

Universidade Federal do Maranhão
Centro de Ciências Exatas e Tecnologia
Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica

GIOVANNI LUCCA FRANÇA DA SILVA

Métodos computacionais baseados em
superpixels para segmentação automática da
próstata em imagens de ressonância
magnética 3D

São Luís

2021

Universidade Federal do Maranhão
Centro de Ciências Exatas e Tecnologia
Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica

GIOVANNI LUCCA FRANÇA DA SILVA

Métodos computacionais baseados em *superpixels*
para segmentação automática da próstata em
imagens de ressonância magnética 3D

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica da UFMA como requisito parcial para a obtenção do grau de Doutor em Engenharia Elétrica.

Orientador: Prof. Dr. Aristófanés Corrêa Silva

Coorientador: Prof. Dr. Anselmo Cardoso de Paiva

São Luís

2021

Ficha gerada por meio do SIGAA/Biblioteca com dados fornecidos pelo(a) autor(a).
Núcleo Integrado de Bibliotecas/UFMA

Silva, Giovanni Lucca França da.

Métodos computacionais baseados em superpixels para segmentação automática da próstata em imagens de ressonância magnética 3D / Giovanni Lucca França da Silva.
- 2021.

126 p.

Coorientador(a): Anselmo Cardoso de Paiva.

Orientador(a): Aristófanês Corrêa Silva.

Tese (Doutorado) - Programa de Pós-graduação em Engenharia Elétrica/ccet, Universidade Federal do Maranhão, São Luís, 2021.

1. Algoritmo XGBoost. 2. Convolutional neural network. 3. Índices filogenéticos. 4. Segmentação da próstata. 5. Superpixels. I. Paiva, Anselmo Cardoso de. II. Silva, Aristófanês Corrêa. III. Título.

Tese de autoria de Giovanni Lucca França da Silva, sob o título “**Métodos computacionais baseados em *superpixels* para segmentação automática da próstata em imagens de ressonância magnética 3D**”, apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica da Universidade Federal do Maranhão, como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Engenharia Elétrica, aprovada em 16 de Março de 2021 pela comissão examinadora constituída pelos doutores:

Prof. Dr. Aristófanés Corrêa Silva

Universidade Federal do Maranhão
Orientador

Prof. Dr. Anselmo Cardoso de Paiva

Universidade Federal do Maranhão
Co-orientador

Prof. Dr. Kelson Rômulo Teixeira Aires

Universidade Federal do Piauí
Examinador Externo

Prof. Dr. Flávio Henrique Duarte de Araújo

Universidade Federal do Piauí
Examinador Externo

Prof. Dr. Vicente Leonardo Paucar Casas

Universidade Federal do Maranhão
Examinador Interno

Prof. Dr. Stelmo Magalhães Barros Netto

Universidade Federal do Maranhão
Examinador Interno

A minha esposa, filho, pais, família e amigos.

Agradecimentos

A Jesus Cristo pela Sua graça e misericórdia renovada em minha vida a cada manhã. Obrigado Pai, por mais uma bênção concedida, mesmo não sendo merecedor.

À minha esposa Yasmim, ao Pedrinho e ao Niko por todo o amor e cuidado. Vocês são tudo para mim e eu estarei sempre aqui lutando por vocês.

Aos meus pais Jorge e Deusemar por tudo o que fizeram e fazem por mim. Obrigado por terem investido na minha educação, tomarei esse exemplo para os meus filhos. Aos demais familiares por todo carinho ao longo da minha vida.

Ao meu amigo e orientador Aristófanês por todos os ensinamentos, conselhos e oportunidades de crescimento pessoal. Grato sou também pela sua competência, dedicação e confiança em mim. Obrigado por tudo, professor. Pode contar sempre comigo.

Ao meu coorientador Anselmo por todo o conhecimento, conselhos e competência neste meu período no laboratório.

Aos meus amigos da UFMA, sem vocês essa caminhada não seria tão legal quanto realmente foi. Obrigado por caminharem comigo, alguns desde a graduação. Sentirei falta do Mario Kart, PES e do CS:GO. Vocês são inspirações para mim e eu estarei sempre na torcida por vocês.

Aos meus amigos de infância pelas amizades fiéis disponíveis a qualquer hora com garantia de sorrisos.

Aos meus amigos da Igreja Batista Central, em especial ao ministério de louvor e ao ministério infantil, no qual tenho alegria em servir ao Senhor junto com vocês.

A CAPES pelo apoio financeiro durante o todo o doutorado.

Ao Departamento de Informática pelos dois anos de experiência como professor do curso de Ciência da Computação. Espero voltar um dia, porém como efetivo.

A Diretoria de Tecnologias na Educação da UFMA pela experiência como tutor on-line do curso de Computação à distância.

A todos que de alguma forma contribuíram para minha formação acadêmica.

Fica o meu muito obrigado a todos, que Deus os abençoe!

“Não faça nada para ser lembrado. Você vai ser esquecido. Faça para a glória de Deus!”

Josemar Bessa

Resumo

O câncer de próstata é o segundo câncer mais frequente em homens no mundo. No Brasil, estimam-se 65.840 casos novos de câncer de próstata para cada ano do triênio 2020-2022. A segmentação automática da próstata é um fator importante para auxiliar o diagnóstico e o tratamento do câncer, como orientação do procedimento de biópsia e a radioterapia. No entanto, a segmentação automática é desafiadora devido à grande variação na anatomia da próstata por conta das alterações patológicas, tecido semelhante aos órgãos adjacentes e diferentes protocolos de aquisição das imagens. Portanto, esta tese propõe três métodos computacionais baseados em *superpixels* para segmentação automática da próstata em imagens de ressonância magnética (RM) 3D. Todos os métodos propostos consideram as seguintes etapas: 1) descrição dos materiais, 2) detecção da próstata, 3) melhoramento das imagens, 4) segmentação da próstata, 5) refinamento da segmentação, e a 6) avaliação dos resultados. As diferenças entre os métodos propostos encontram-se na etapa de segmentação da próstata com a subetapa de classificação dos *superpixels*. O primeiro método proposto apresenta uma abordagem de classificação baseada na técnica de aprendizagem profunda *Convolutional Neural Network* (CNN) e o algoritmo de otimização por enxame de partículas (PSO) para otimizar os filtros nas camadas convolucionais, o segundo método proposto descreve uma abordagem de classificação convencional baseada em descritores de textura, usando os índices filogenéticos, o algoritmo *eXtreme Gradient Boosting* (XGBoost) e o algoritmo PSO para otimizar os hiperparâmetros do XGBoost, e por fim, o terceiro método proposto detalha uma abordagem de classificação híbrida baseada na técnica CNN, o algoritmo XGBoost e o algoritmo PSO para otimizar o tipo de conexão utilizada nas camadas convolucionais. Os métodos propostos foram avaliados nas bases de imagens de RM 3D *Prostate 3T* e *PROMISE12* usando as métricas de desempenho coeficiente de similaridade Dice, volume relativo da diferença, similaridade volumétrica, distância média da superfície e distância de Hausdorff. Os resultados da aplicação do primeiro método apresentaram 87,67%, 2,83%, 0,96, 0,89 mm, e 13,65 mm, respectivamente nos valores correspondentes das métricas de desempenho mencionadas. O segundo método proposto obteve 85,64%, 7,68%, 0,96, 1,22 mm, e 15,13 mm, respectivamente. Finalmente, o terceiro método proposto alcançou 87,65%, 3,18%, 0,96, 0,88 mm, e 13,51 mm, respectivamente. Constatou-se que o primeiro e o terceiro método apresentaram resultados similares na segmentação da próstata, sendo eles superiores aos resultados obtidos no segundo método. Além disso, o terceiro método apresentou um menor desvio padrão nas métricas e uma taxa de acerto no *superpixels* de próstata superior aos demais métodos. Os resultados experimentais demonstram o potencial de desempenho dos métodos propostos comparados aos publicados recentemente na literatura.

Palavras-chave: Segmentação da próstata, *Superpixels*, *Convolutional neural network*, Índices filogenéticos, Algoritmo XGBoost, Otimização por enxame de partículas.

Abstract

Prostate cancer is the second most common cancer in men in the world. In Brazil, there are an estimated 65,840 new cases of prostate cancer for each year of the 2020-2022 triennium. The automatic segmentation of the prostate is an important factor to assist in the diagnosis and treatment of cancer, such as orientation of the biopsy procedure and radiotherapy. However, automatic segmentation is challenging due to the great variation in the anatomy of the prostate due to pathological changes, tissue similar to Organs adjacent organs and different image acquisition protocols. Therefore, this work proposes three computational methods based on superpixels for automatic segmentation of the prostate in 3D magnetic resonance (MR) images. All the proposed methods consider the following steps: 1) description of the materials, 2) prostate detection, 3) image enhancement, 4) prostate segmentation, 5) refinement of the segmentation, and 6) evaluation of the results. The differences between the proposed methods are found in the segmentation of the prostate with the subset of superpixels classification. The first proposed method presents a classification approach based on the deep learning technique Convolutional Neural Network (CNN) and the particle swarm optimization algorithm (PSO) to optimize the filters in the convolutional layers, the second proposed method describes a classification approach conventional based on texture descriptors, using phylogenetic indices, the eXtreme Gradient Boosting (XGBoost) algorithm and the PSO algorithm to optimize the XGBoost hyperparameters, and finally, the third proposed method details a hybrid classification approach based on the CNN technique, the XGBoost algorithm and the PSO algorithm to optimize the type of connection used in the convolutional layers. The proposed methods were evaluated on the databases Prostate 3T and PROMISE12 using the performance metrics Dice similarity coefficient, relative volume difference, volumetric similarity, average distance surface and Hausdorff distance. The results of the application of the first method showed 87.67%, 2.83%, 0.96, 0.89 mm, and 13.65 mm, respectively, in the corresponding values of the mentioned performance metrics. The second proposed method obtained 85.64%, 7.68%, 0.96, 1.22 mm, and 15.13 mm, respectively. Finally, the proposed third method reached 87.65%, 3.18%, 0.96, 0.88 mm, and 13.51 mm, respectively. It was found that the first and the third method showed similar results in the segmentation of the prostate, being superior to the results obtained in the second method. In addition, the third method had a lower standard deviation in the metrics and a higher rate of hit in the prostate superpixels than the other methods. The experimental results demonstrate the performance potential of the proposed methods compared to those recently published in the literature.

Keywords: Prostate segmentation, Superpixels, Convolutional neural networks, Phylogenetic indexes, XGBoost algorithm, Particle swarm optimization.

Lista de figuras

Figura 1 – Anatomia da próstata.	30
Figura 2 – Zonas da próstata.	31
Figura 3 – Exame de RM.	32
Figura 4 – Scanner de RM.	33
Figura 5 – Especificação do histograma.	36
Figura 6 – Aplicação da técnica especificação do histograma.	37
Figura 7 – Aplicação da técnica quantização uniforme.	38
Figura 8 – Aplicação da técnica difusão anisotrópica do gradiente.	39
Figura 9 – Aplicação da técnica correção de <i>bias field</i>	41
Figura 10 – Mapeamento dos <i>pixels</i>	43
Figura 11 – Inicialização dos centros de agrupamentos.	43
Figura 12 – Exemplo de imagem com 3 níveis de cinza.	45
Figura 13 – Exemplo de árvore filogenética.	45
Figura 14 – Árvore filogenética na forma de cladograma inclinado.	46
Figura 15 – Aplicação da dilatação.	52
Figura 16 – Aplicação do preenchimento de buracos.	53
Figura 17 – Atlas probabilístico.	54
Figura 18 – Processo de busca do algoritmo PSO.	55
Figura 19 – <i>Perceptron</i> de múltiplas camadas.	57
Figura 20 – Redes neurais convolucionais.	60
Figura 21 – Camada de convolução.	60
Figura 22 – Camada de subamostragem.	61
Figura 23 – Divisão da imagem em grade para a predição das <i>bounding boxes</i>	62
Figura 24 – Fluxograma das etapas comuns nos métodos propostos.	68
Figura 25 – Exemplos de exames RM usando diferentes bobinas.	70
Figura 26 – Etapa de detecção da próstata	71
Figura 27 – Fluxograma da etapa de melhoramento baseado no algoritmo PSO.	73
Figura 28 – Construção do atlas probabilístico.	75
Figura 29 – Agrupamento em <i>superpixels</i>	76
Figura 30 – Processo de rotulação dos <i>superpixels</i>	77
Figura 31 – Método baseado na técnica CNN e o algoritmo PSO.	77

Figura 32 – Método baseado nos índices filogenéticos, XGBoost e o algoritmo PSO.	77
Figura 33 – Método baseado na técnica CNN, XGBoost e o algoritmo PSO.	78
Figura 34 – Redes neurais convolucionais profundas baseadas em <i>superpixels</i>	78
Figura 35 – Fluxograma do algoritmo PSO aplicado no primeiro método.	80
Figura 36 – Fluxograma do algoritmo PSO aplicado no segundo método.	82
Figura 37 – Método híbrido usando a técnica CNN e o algoritmo XGBoost para a classificação dos <i>superpixels</i>	83
Figura 38 – Tipos de conexão usados nos blocos de convolução.	84
Figura 39 – Fluxograma do algoritmo PSO aplicado no terceiro método.	85
Figura 40 – Aplicação da dilatação na imagem segmentada.	86
Figura 41 – Obtenção do maior volume encontrado na imagem dilatada.	86
Figura 42 – Aplicação da operação de preenchimento de buracos.	87
Figura 43 – Exemplos da etapa de detecção usando a YOLO.	90
Figura 44 – Avaliação qualitativa da etapa de melhoramento	92
Figura 45 – Treinamento da partícula <i>Gbest</i>	95
Figura 46 – Exemplo de caso de maior precisão na segmentação com o primeiro método proposto.	97
Figura 47 – Exemplo de caso de menor precisão na segmentação com o primeiro método proposto.	98
Figura 48 – Exemplo de caso de maior precisão na segmentação com o segundo método proposto.	102
Figura 49 – Exemplo de caso de menor precisão na segmentação com o segundo método proposto.	103
Figura 50 – Exemplo de caso de maior precisão na segmentação com o terceiro método proposto.	106
Figura 51 – Exemplo de caso de menor precisão na segmentação com o terceiro método proposto.	107
Figura 52 – Exemplo de caso de sucesso na segmentação em todos os métodos propostos.	108

Lista de tabelas

Tabela 1 – Resumo dos trabalhos relacionados a segmentação da próstata por meio de imagens de RM 3D.	29
Tabela 2 – Correspondência entre os termos da Ecologia e o método proposto. . .	46
Tabela 3 – Definição das partículas da etapa de melhoramento no método proposto.	72
Tabela 4 – Códigos da ordem de aplicação das técnicas de melhoramento selecionadas no algoritmo PSO.	73
Tabela 5 – Definição das partículas do algoritmo PSO no primeiro método. . . .	80
Tabela 6 – Definição das partículas do algoritmo PSO no segundo método. . . .	82
Tabela 7 – Definição das partículas do algoritmo PSO no terceiro método. . . .	84
Tabela 8 – Resultados na etapa de detecção da próstata nos conjuntos de validação e teste.	89
Tabela 9 – Parâmetros definidos para o algoritmo PSO na etapa de melhoramento.	91
Tabela 10 – Resultados obtidos na etapa de melhoramento no conjunto de validação.	91
Tabela 11 – Distribuição da quantidade de <i>superpixels</i> por classe nos conjuntos de treinamento, validação e teste.	93
Tabela 12 – Parâmetros definidos para o algoritmo PSO em conjunto com a técnica CNN para otimização da quantidade de filtros nas camadas de convolução.	93
Tabela 13 – Resultados obtidos pela partícula <i>Gbest</i> com o primeiro método proposto nos conjuntos de validação e teste.	94
Tabela 14 – Resultados obtidos pela partícula <i>Gbest</i> com o primeiro método proposto no conjunto de teste, analisando a combinação das duas redes neurais convolucionais paralelas.	94
Tabela 15 – Resultados obtidos por diferentes hiperparâmetros da CNN no conjunto de teste.	95
Tabela 16 – Resultados da segmentação da próstata no conjunto de teste com o primeiro método proposto.	96
Tabela 17 – Parâmetros definidos para o algoritmo PSO em conjunto com o algoritmo XGBoost para otimização de alguns hiperparâmetros.	99
Tabela 18 – Resultados obtidos pela partícula <i>Gbest</i> com o segundo método proposto nos conjuntos de validação e teste.	99
Tabela 19 – Importâncias das características do modelo criado pela partícula <i>Gbest</i> .	100

Tabela 20 – Resultados da segmentação da próstata no conjunto de teste com o segundo método proposto.	101
Tabela 21 – Parâmetros definidos para o algoritmo PSO em conjunto com a técnica CNN para otimização dos tipos de conexão nas camadas de convolução.	103
Tabela 22 – Resultados obtidos pela partícula <i>Gbest</i> com o terceiro método proposto nos conjuntos de validação e teste.	104
Tabela 23 – Resultados obtidos no conjunto de teste utilizando a rede completamente conectada e o algoritmo XGBoost.	104
Tabela 24 – Resultados da segmentação da próstata no conjunto de teste com o terceiro método proposto.	105
Tabela 25 – Resultados na etapa de segmentação da próstata no conjunto de teste com todos os métodos propostos.	106
Tabela 26 – Complexidade de todos os métodos propostos.	108
Tabela 27 – Resultados obtidos no conjunto de teste usando as técnicas implementadas e os métodos propostos.	109
Tabela 28 – Comparação com os trabalhos relacionados com referência à segmentação da próstata em imagens de RM.	111
Tabela 29 – Artigos publicados e submetidos em relação a segmentação da próstata.	116

Lista de abreviaturas e siglas

ACC	<i>Accuracy</i>
ASD	<i>Average Surface Distance</i>
AvPD	<i>Average Phylogenetic Diversity</i>
AvTD	<i>Average Taxonomic Distinction</i>
BFC	<i>Bias Field Correction</i>
CAD	<i>Computer-aided detection</i>
CADx	<i>Computer-aided detection and diagnosis</i>
CNN	<i>Convolutional Neural Network</i>
DICOM	<i>Digital Imaging Communications in Medicine</i>
DSC	<i>Dice Similarity Coefficient</i>
ERC	<i>Endorectal Coil</i>
ERT	<i>Extremely Randomized Tree</i>
FN	Falso Negativo
FP	Falso Positivo
GAD	<i>Gradient Anisotropic Diffusion</i>
HD	<i>Hausdorff Distance</i>
HM	<i>Histogram Matching</i>
IMSLIC	<i>Intrinsic Manifold Simple Linear Iterative Clustering</i>
IoU	<i>Intersection over Union</i>
MLP	<i>Multilayer Perceptron</i>
NCIA	<i>National Cancer Imaging Archive</i>
NCR	<i>National College of Radiography</i>

NEMA	<i>National Electrical Manufacturers Association</i>
PAC	<i>Phased Array Coil</i>
PD_{NODE}	<i>Phylogenetic Diversity of Branch Length</i>
PD_{ROOT}	<i>Phylogenetic Diversity Including Root Branches</i>
PSA	<i>Prostate-Specific Antigen</i>
PSO	<i>Particle Swarm Optimization</i>
RM	Ressonância Magnética
ROC	<i>Receiver Operating Characteristic</i>
RVD	<i>Relative Volume Difference</i>
ReLU	<i>Rectified Linear Units</i>
RNA	Redes Neurais Artificiais
SEN	<i>Sensitivity</i>
SGD	<i>Stochastic Gradient Descent</i>
SLIC	<i>Simple Linear Iterative Clustering</i>
SPE	<i>Specificity</i>
TTD	<i>Total Taxonomic Distinction</i>
UQ	<i>Uniform Quantization</i>
VN	Verdadeiro Negativo
VP	Verdadeiro Positivo
VS	<i>Volumetric Similarity</i>
XGBoost	<i>eXtreme Gradient Boosting</i>
YOLO	<i>You Only Look Once</i>

Sumário

1	Introdução	17
1.1	Justificativa	19
1.2	Objetivos	20
1.3	Hipóteses	21
1.4	Organização da tese	21
2	Trabalhos relacionados	23
2.1	Trabalhos relacionados a segmentação da próstata	23
2.2	Trabalhos relacionados às principais técnicas utilizadas	26
3	Fundamentação teórica	30
3.1	Próstata	30
3.2	Ressonância magnética	31
3.3	Formato DICOM	33
3.4	Processamento de imagens digitais	34
3.4.1	Especificação do histograma	35
3.4.2	Quantização uniforme	37
3.4.3	Difusão anisotrópica do gradiente	38
3.4.4	Correção de <i>bias field</i>	39
3.4.4.1	Filtro de correção de <i>bias field</i> N4	40
3.4.5	<i>Superpixels</i>	41
3.4.5.1	Agrupamento iterativo linear simples	41
3.4.5.2	Agrupamento iterativo linear simples de superfície intrínseca	42
3.4.6	Análise de textura	44
3.4.6.1	Índice de diversidade	44
3.4.6.2	Diversidade filogenética	45
3.4.6.2.1	Índices de diversidade filogenética baseados na riqueza de espécies	46
3.4.6.2.2	Índices de diversidade filogenética baseados na distância entre pares de espécies	47
3.4.6.2.3	Índices de diversidade filogenética baseados na topologia	49
3.4.6.2.4	Índices de diversidade filogenética baseados em caminho mínimo	50

3.4.7	Morfologia matemática	51
3.4.7.1	Dilatação	52
3.4.7.2	Preenchimento de buracos	52
3.5	Atlas probabilístico	53
3.6	Algoritmo evolutivo	54
3.6.1	Otimização por enxame de partículas	55
3.7	Redes neurais artificiais	56
3.8	Aprendizagem profunda	59
3.8.1	Redes neurais convolucionais profundas	59
3.8.2	YOLO	61
3.9	<i>Extreme gradient boosting</i>	63
3.10	Métricas de desempenho	64
4	Métodos de segmentação automática da próstata baseados em <i>superpixels</i>	68
4.1	Materiais	69
4.1.1	<i>Prostate 3T</i>	69
4.1.2	<i>PROMISE12</i>	69
4.2	Detecção da próstata	70
4.3	Melhoramento das imagens	71
4.4	Segmentação da próstata	73
4.4.1	Construção do atlas probabilístico	74
4.4.2	Agrupamento em <i>superpixels</i>	74
4.4.3	Classificação dos <i>superpixels</i>	76
4.4.3.1	Método baseado na técnica CNN e o algoritmo PSO	78
4.4.3.2	Método baseado nos índices filogenéticos, XGBoost e o algoritmo PSO	81
4.4.3.3	Método baseado na técnica CNN, XGBoost e o algoritmo PSO	83
4.4.3.4	Distinção entre os métodos propostos	84
4.5	Refinamento da segmentação	85
4.6	Avaliação dos resultados	87
5	Resultados e discussão	88

5.1	Divisão das bases de imagens	88
5.2	Resultados da detecção da próstata	88
5.3	Avaliação do melhoramento das imagens	90
5.4	Resultados finais da segmentação da próstata	92
5.4.1	Método baseado na técnica CNN e o algoritmo PSO . . .	93
5.4.1.1	Estudo de caso	97
5.4.2	Método baseado nos índices filogenéticos, XGBoost e o algoritmo PSO	98
5.4.2.1	Estudo de caso	101
5.4.3	Método baseado na técnica CNN, XGBoost e o algoritmo PSO	102
5.4.3.1	Estudo de caso	104
5.5	Comparação entre os métodos propostos	105
5.6	Comparação com outras técnicas de segmentação . . .	109
5.7	Comparação com os trabalhos relacionados	109
6	Conclusão	112
6.1	Comprovação das hipóteses	113
6.2	Contribuições	114
6.3	Trabalhos Futuros	115
6.4	Produções Científicas	115
	Referências	117

1 Introdução

O câncer é uma doença causada pela divisão incontrolada de células, podendo acontecer em qualquer parte do corpo, com potencial para invadir tecidos e órgãos vizinhos (FERREIRA, 2004). A proliferação celular não implica necessariamente presença de malignidade, podendo simplesmente responder as necessidades específicas do corpo. Durante os primeiros anos de vida de uma pessoa, as células normais se dividem mais rapidamente para permitir o desenvolvimento da pessoa. Depois, na fase adulta, grande parte das células se dividem apenas para substituir células desgastadas ou mortas. A maioria das células normais crescem, dividem-se e morrem de maneira ordenada, porém, as células cancerosas, em vez de morrerem, continuam crescendo incontrolavelmente, formando novas células anômalas (INCA, 2019a).

Existem mais de cem tipos de tumores conhecidos que afetam as pessoas, porém, nem todos os tumores são cancerígenos (NCI, 2019). Os tumores benignos têm seu crescimento de forma organizada, geralmente lenta, expansiva e apresentam limites bem nítidos. Apesar de não invadirem os tecidos vizinhos, podem comprimir os órgãos e tecidos adjacentes, dificilmente constituindo um risco de vida. Em contrapartida, os tumores malignos manifestam um maior grau de autonomia e são capazes de invadir tecidos vizinhos e provocar metástases, podendo ser resistentes ao tratamento e causar a morte do paciente (INCA, 2019a).

As causas do câncer são variadas, podendo ocorrer devido a fatores ambientais ou devido à hereditariedade genética, estando ambas inter-relacionadas. Segundo Anand et al. (2008), cerca de 90 a 95% dos casos diagnosticados são atribuídos a fatores ambientais, como estilo de vida social e a poluição do meio ambiente. Apenas 5 a 10% são atribuídos à hereditariedade genética e estão ligadas à capacidade do organismo de se defender das agressões externas. Esses fatores casuais podem interagir de várias formas, aumentando a probabilidade de transformações malignas em células normais (INCA, 2019c).

O câncer de próstata é a segunda principal causa de morte por câncer no mundo inteiro entre os homens (SIEGEL; MILLER; JEMAL, 2019). As estimativas da Sociedade Americana do Câncer para o câncer de próstata nos Estados Unidos, para 2020, são cerca de 191.930 novos casos, apresentando cerca de 33.330 mortes (ACS, 2020). No Brasil, estimam-se 65.840 novos casos de câncer de próstata para cada ano do triênio 2020-2022. Esse valor corresponde a um risco estimado de 62,95 novos casos a cada 100 mil homens (INCA, 2020).

De acordo com os dados mais recentes, cerca de 1 homem em 9 será diagnosticado com câncer de próstata durante sua vida (ACS, 2020).

A próstata é uma pequena glândula em forma de noz, presente nos homens que produz o fluido seminal que nutre e transporta o espermatozóide (INCA, 2019b). Normalmente, o câncer de próstata cresce lentamente e é inicialmente confinado à próstata, podendo ou não causar sérios danos. No entanto, alguns tipos são agressivos e podem se espalhar rapidamente (INCA, 2019b; MOHLER et al., 2016). A detecção precoce é uma das estratégias altamente potenciais para reduzir a mortalidade por câncer de próstata e pode melhorar a eficácia do tratamento e aumentar a chance de sobrevivência dos pacientes, com uma sobrevida de aproximadamente 15 anos (ACS, 2020).

Há várias formas de detecção do câncer de próstata, as duas maneiras mais comuns para a detecção dessa patologia são o exame do antígeno prostático específico, do inglês *Prostate-Specific Antigen* (PSA), no sangue e o exame palpatório. Todavia, esses dois tipos de exames, mesmo realizados em conjunto, não possuem grande precisão, pois dependem que a anatomia da próstata esteja determinada corretamente (HUNG; LEVY; KUBAN, 2002). Neste contexto, é empregado o uso de exames por imagens do volume da próstata para aumentar a acurácia da detecção, estadiamento, monitoramento e o tratamento do câncer de próstata (GHOSE et al., 2012).

Entre as modalidades de exames por imagem, a ressonância magnética (RM) se mostra o método mais preciso disponível para obter informações sobre o tamanho, forma e localização da próstata, devido sua capacidade de gerar imagens de alta resolução com excelente contraste de tecidos moles e não envolver radiação ionizante (DAMIÃO et al., 2015). Na prática atual, a segmentação da próstata na RM é feita principalmente por radiologistas, baseada na inspeção visual fatia por fatia, o que consome tempo, requer um alto grau de habilidade, concentração e é propenso a variabilidade entre radiologistas (GHOSE et al., 2012).

A segmentação da próstata é um pré-requisito essencial para auxiliar o diagnóstico e o tratamento do câncer, como a orientação do procedimento de biópsia e a radioterapia. Sendo assim, o desenvolvimento de métodos automáticos e confiáveis para segmentação da próstata na RM é clinicamente desejável e uma tarefa importante (MOHLER et al., 2016). Entretanto, a segmentação automática é desafiadora devido à falta de limites claros da próstata, por causa da aparência semelhante aos tecidos adjacentes e à grande variação no

tamanho e na forma entre os diferentes pacientes, por conta das alterações patológicas ou diferentes resoluções de imagens (YAN et al., 2016).

Os avanços alcançados pelo uso dos sistemas computacionais de auxílio a detecção, do inglês *computer-aided detection* (CAD), e diagnóstico, do inglês *computer-aided detection and diagnosis* (CADx), representam a capacidade que possui a análise de exames por imagens. Todavia, problemas comumente encontrados em sistemas dessa natureza necessitam ser explorados. Portanto, esta tese apresenta três métodos computacionais baseados em *superpixels* para a segmentação automática da próstata em imagens de RM 3D, usando técnicas de processamento de imagens e reconhecimento de padrões.

1.1 Justificativa

No Brasil, o câncer de próstata apresenta a maior incidência entre os homens, sem considerar o câncer de pele não melanoma, e as maiores taxas ocorrem nas regiões nordeste e centro-oeste. A região nordeste apresenta um risco estimado de 72,35 novos casos a cada 100 mil homens, a região centro-oeste possui um risco de 65,29 a cada 100 mil, a região sudeste aponta um risco de 63,94 a cada 100 mil, a região sul exibe um risco de 62 a cada 100 mil, e por fim, a região norte apresenta um risco de 29,39 a cada 100 mil (INCA, 2020).

Segundo Ferlay et al. (2015), a tendência da mortalidade por esse tipo de câncer se apresenta em declínio em quase todas as regiões do mundo, sendo identificada queda de 3,4%, no período de 2010 a 2014, nos Estados Unidos. No Brasil, ocorreram, em 2017, 15.391 óbitos de câncer de próstata, o equivalente ao risco de 15,25 a cada 100 mil homens. Por se tratar de um tumor com bom prognóstico, a probabilidade de sobrevida em dez anos é encontrada acima de 98%, variando em função de fatores clínicos, genéticos, socioeconômicos e ambientais (SEER, 2020).

Por essas razões, nas últimas décadas têm surgido um grande interesse no desenvolvimento e uso de técnicas computacionais que utilizam processamento de imagens e reconhecimento de padrões em imagens de RM, com o objetivo de auxiliar, com aceitável grau de precisão, os resultados de importantes procedimentos médicos. Dessa maneira, a segmentação automática e precisa da próstata em imagens de RM 3D, aparentemente oferecerá muitos benefícios, como eficiência, agilidade, reprodutibilidade e eliminação de inconsistências entre os radiologistas que realizam a segmentação manual (CHENG et al., 2017).

1.2 Objetivos

O objetivo geral desta tese é desenvolver métodos computacionais para a segmentação automática da próstata em imagens de RM 3D, usando técnicas de processamento de imagens e reconhecimento de padrões.

Destacam-se como objetivos específicos desta tese:

- Detectar a região da próstata com base na rede completamente convolucional YOLO, para diminuir a região de interesse, reduzindo o desequilíbrio das classes de próstata e não próstata;
- Aplicar o algoritmo de otimização por enxame de partículas (PSO), em conjunto com a técnica de *superpixels Intrinsic Manifold Simple Linear Iterative Clustering* (IMSLIC), otimizando a etapa de melhoramento na escolha e ordem das técnicas aplicadas;
- Desenvolver um atlas probabilístico adaptável às diferentes dimensões dos exames de RM, incorporando a informação espacial e anatômica da próstata na etapa de segmentação;
- Agrupar os *pixels* das imagens de RM e do atlas probabilístico usando a técnica de *superpixels* IMSLIC, reduzindo o custo computacional e aumentando a precisão da segmentação;
- Combinar duas redes neurais convolucionais paralelas com a mesma camada completamente conectada para extração e classificação das características implícitas dos *superpixels*;
- Descrever a textura dos *superpixels* de próstata e não próstata usando os índices de diversidade filogenética;
- Aplicar a técnica de árvores de decisão *eXtreme Gradient Boosting* (XGBoost) em conjunto com o algoritmo PSO para distinguir os *superpixels* de próstata e não próstata;
- Desenvolver novas arquiteturas da técnica CNN com conexões residuais e/ou densas para incluir novas camadas de convolução e permitir a extração implícita de mais características;

- Propor um método híbrido baseado na técnica CNN e o algoritmo XGBoost para classificação dos *superpixels* baseado nas características extraídas implicitamente pela CNN.

1.3 Hipóteses

Diante do exposto, algumas hipóteses foram levantadas a cerca da problemática abordada nesta tese:

- A delimitação da região da próstata permite um melhor desempenho das etapas posteriores.
- A informação espacial da próstata é um fator importante na segmentação da próstata.
- A aplicação dos índices de diversidade como descritores de textura contribui na distinção dos tecidos de próstata e não próstata.
- A otimização dos hiperparâmetros das técnicas de aprendizado de máquina garante resultados superiores comparados aos hiperparâmetros achados na literatura.
- A combinação de técnicas de aprendizagem profunda com técnicas convencionais apresenta resultados superiores quando aplicadas de forma isolada.

1.4 Organização da tese

Esta tese está organizada em seis capítulos, de forma a apresentar o conteúdo mais claramente, conforme os parágrafos a seguir.

O Capítulo 2, Trabalhos relacionados, apresenta de forma resumida os métodos recentemente publicados na literatura para a segmentação da próstata em imagens de RM e os trabalhos relacionados às principais técnicas utilizadas nos métodos propostos.

O Capítulo 3, Fundamentação teórica, apresenta o embasamento teórico necessário para o entendimento e desenvolvimento dos métodos propostos.

O Capítulo 4, Métodos de segmentação automática da próstata baseados em *superpixels*, apresenta os métodos propostos no trabalho.

O Capítulo 5, Resultados e discussão, apresenta, compara e discute os resultados obtidos pelos métodos propostos para segmentação da próstata.

O Capítulo 6, Conclusão, apresenta as considerações finais e as contribuições acerca dos métodos propostos, e por fim, as propostas de trabalhos futuros.

2 Trabalhos relacionados

Este capítulo apresenta os trabalhos relacionados a segmentação da próstata em imagens de RM 3D publicados na literatura. Além disso, apresenta trabalhos relacionados às principais técnicas utilizadas na tese, tais como a técnica de *superpixels* IMSLIC, os índices filogenéticos e o algoritmo XGBoost.

2.1 Trabalhos relacionados a segmentação da próstata

A segmentação precisa da próstata em imagens de RM é muito útil para a detecção do câncer, realização de biópsia, estadiamento, monitoramento e tratamento (DAMIÃO et al., 2015; YU et al., 2017). A este respeito, existe uma enorme demanda por métodos rápidos e precisos de segmentação automática ou semi-automática para aplicações clínicas (STOJANOV; KOCESKI, 2014; YANG et al., 2017; JIA et al., 2018). A literatura inclui estudos baseados em atlas probabilísticos, modelos de contorno ativo e técnicas de aprendizagem profunda.

Nas abordagens baseadas em atlas, Li et al. (2013) propuseram um método automático que incorpora as características de intensidade local pelo algoritmo de *Random Walker* e o conhecimento de um atlas probabilístico para descrever melhor as características da próstata em imagem de RM. O método obteve um coeficiente de similaridade Dice, do inglês *Dice similarity coefficient* (DSC), de $80,7 \pm 5,1\%$ usando a base de dados pública *Prostate 3T* (LITJENS; FUTTERER; HUISMAN, 2015). Stojanov e Koceski (2014) desenvolveram um método topológico de forma automática usando um conjunto de imagens de atlas probabilísticos. Os resultados experimentais demonstraram que o método obteve um DSC de 81% usando a base de dados pública *Prostate MR Image* (IGT, 2008). Korsager et al. (2015) descreveram um método automático que combina informações espaciais obtidas da seleção do atlas probabilístico e o registro com informações de intensidade em uma estrutura de corte de grafos. Os resultados experimentais demonstraram que o método atingiu um DSC de 88% usando uma base de dados privada.

Tian, Liu e Fei (2015) propuseram um método automático de dois estágios baseado em uma estrutura multi-atlas. O propósito do primeiro estágio é encontrar um cubóide que contenha toda a região da próstata. Na segunda etapa, o método enfoca o registro na região da vizinhança da próstata para melhorar a precisão da segmentação da próstata. O

método obteve um DSC de $83,4 \pm 4,3\%$ usando uma base de dados privada. Reis (2019) desenvolveu um método automático usando características de forma e a fusão conjunta de rótulos de vários atlas probabilístico para determinar a segmentação inicial e o modelo de Ising para o refinamento da segmentação. Os resultados experimentais demonstraram que o método alcançou um DSC de 91,62% usando as bases de dados públicas *Prostate 3T*, *PROMISE12* (LITJENS et al., 2014) e *Prostate Fused-MRI-Pathology* (BLOCH et al., 2015). Em geral, as abordagens baseadas no atlas podem produzir segmentações ineficazes, especialmente se a imagem de teste for muito diferente da população das imagens no atlas. Além disso, a maioria dos métodos baseados em atlas segue uma estratégia de registro global, o que os torna desnecessariamente sensíveis às características anatômicas da próstata e aumenta o tempo computacional.

Nas abordagens baseadas em contornos ativos, Al-Qunaieer, Tizhoosh e Rahnamayan (2014) desenvolveram um algoritmo semi-automático de ajuste de nível de multi-resolução com forma a priori, a fim de compensar as bordas fracas e estruturas de tecidos semelhantes ao redor da próstata. O método obteve um DSC de 80% usando a base de dados *Prostate MR Image*. Tian et al. (2016) descreveram um método semi-automático que combina cortes de grafos 3D e um contorno ativo 3D, utilizando um estilo de superfície, em vez do estilo curva a curva. Os resultados experimentais demonstraram que o método alcançou um DSC de $89,3 \pm 1,9\%$ usando uma base de dados privada. Yang, Zhan e Xie (2016) desenvolveram um método semi-automático através de uma formulação de contorno ativo modificado com informação da forma a priori. A simplificação da região de interesse consiste em duas partes: detecção de referência e restrição de informações de textura de redundância. O método obteve um DSC de 91,45% usando uma base de dados privada.

Tian et al. (2017) propuseram um método semi-automático de corte de grafos 3D baseado em supervoxel. A saída dos cortes de grafos é usada como uma inicialização para o contorno ativo 3D, que pode produzir superfícies de próstata de forma mais lisas. Os resultados experimentais demonstraram que o método atingiu um DSC de $86,9 \pm 3,2\%$ usando uma base de dados privada. Yang et al. (2017) sugeriram um agrupamento semi-automático de níveis hierárquicos em conjunto com a análise de distância estatística, informações de textura e forma a priori. O método obteve um DSC de 92,05% usando uma base de dados privada. Não obstante, as abordagens baseadas em contornos ativos podem ser muito sensíveis à inicialização do contorno e uma boa inicialização pode ser difícil de se obter (TOTH et al., 2011). Além disso, esses métodos podem falhar quando as margens

da próstata são difusas ou muito próximas a estruturas com aparências similares, como a bexiga.

Nas abordagens baseadas em aprendizagem profunda, Yan et al. (2016) desenvolveram um método automático de escala holística para escala mais precisa, que aproveita a rede profunda para extrair recursos de alto nível. O método obteve um DSC de 89% usando a base de dados pública *PROMISE12*. Guo, Gao e Shen (2017) apresentaram um método automático usando uma técnica de auto-codificador esparsos empilhado em conjunto com a correspondência de *patch* esparsos. Os resultados experimentais demonstraram que o método atingiu um DSC de 87,8% usando uma base de dados privada. Jia et al. (2017) sugeriram um método automático baseado em redes neurais convolucionais profundas. O método obteve um DSC de $88 \pm 0,04\%$ usando a base de dados *PROMISE12*. Yu et al. (2017) descreveram um método automático baseado em uma rede neural convolucional volumétrica com conexões residuais. Os resultados experimentais demonstraram que o método atingiu um DSC de 89,43% usando a base de dados *PROMISE12*.

Cheng et al. (2017) propuseram um método automático adotando uma rede neural holística, explorando tanto abordagens holísticas quanto baseadas em *patches*. O método obteve um DSC de $89,77 \pm 3,29\%$ usando uma base de dados privada. Karimi et al. (2018) desenvolveram um método usando rede neural convolucional com um treinamento baseado em modelos estatísticos da forma da próstata. Os resultados experimentais demonstraram que o método obteve um DSC de 88% usando a base de dados *PROMISE12*. Gelder e Huisman (2018) descreveram um método usando uma arquitetura de rede neural convolucional U-Net combinado com um auto-codificador para adicionar uma perda global extra durante o treinamento. O método obteve um DSC de 76% usando uma base de dados privada.

Jia et al. (2018) apresentaram um método automático usando um atlas probabilístico e uma rede neural convolucional profunda. Os resultados experimentais demonstraram que o método atingiu um DSC de 91% usando a base de dados *PROMISE12*. Jensen et al. (2019) relataram um método baseado na U-Net para segmentação das zonas prostáticas. O método obteve um DSC de 74,3% usando uma base de dados privada. Pan et al. (2019) propuseram um método baseado em dois estágios usando a U-Net, com o primeiro estágio para localizar a próstata e o segundo estágio para obter uma segmentação

precisa das imagens cortadas. O método obteve um DSC de 88,6% usando a base de dados *PROMISE12*.

Wang et al. (2019) desenvolveram um método automático usando as redes totalmente convolucionais com uma convolução dilatada em grupo, apresentando um DSC de $88 \pm 0,05\%$ usando a base de dados *PROMISE12*. Chen et al. (2019) apresentaram um método automático usando uma arquitetura modificada da U-net, obtendo um DSC de 88,12% na base de dados *PROMISE12*. Jia et al. (2019) propuseram um método baseado na rede convolucional anisotrópica de pirâmide adversária 3D, resultando em um DSC de 90,6% na base de dados *PROMISE12*. Liu et al. (2020) apresentaram um método automático baseado na U-net usando conexões residuais com *batch normalization* em camadas específicas. O método obteve um DSC de 91,6% usando uma base de dados privada.

Comelli et al. (2021) propuseram um método automático baseado na rede neural eficiente com a função de erro Tversky durante o treinamento. Os resultados experimentais demonstraram que o método atingiu um DSC de 90,8% usando uma base de dados privada. No entanto, as abordagens baseadas em aprendizagem profunda podem levar muito tempo para serem treinadas, por usar a imagem inteira como entrada das redes e requerem uma grande quantidade de dados para o treinamento. Além disso, essas redes admitem uma grande variedade de arquiteturas e hiperparâmetros específicos, tornando difícil e custoso identificar manualmente esses hiperparâmetros ideais.

Esses são exemplos de trabalhos, publicados na literatura, que foram desenvolvidos para a segmentação da próstata por meio de imagens de RM. A Tabela 1 apresenta um resumo desses trabalhos, tais como a base utilizada, a quantidade de amostras utilizadas, o tipo do método e o DSC obtido. Apesar dos grandes esforços e numerosos métodos que têm sido propostos nos últimos anos, a segmentação precisa e automática da próstata na RM continua a ser um desafio. Portanto, este trabalho explora a eficácia das abordagens acima mencionadas para apresentar métodos automáticos baseados em *superpixels* para a segmentação da próstata.

2.2 Trabalhos relacionados às principais técnicas utilizadas

Em relação à aplicação de técnicas baseadas em *superpixels*, Soltaninejad et al. (2017) desenvolveram um método automático para detecção e segmentação de lesões

cerebrais em imagens de RM usando a técnica *Simple Linear Iterative Clustering* (SLIC), características de textura e forma e a técnica de árvores de decisão *Extremely Randomized Tree* (ERT). O método proposto obteve um DSC de 88% na base de dados pública *BRATS*. Bharath et al. (2017) apresentaram um método para segmentação de lesões cerebrais em imagens de RM usando a técnica SLIC, características baseadas em tensores e o algoritmo *Random Forest*, obtendo um DSC de 77% na base de dados pública *BRATS*. Em relação a aplicação da técnica de *superpixels* IMSLIC, o único trabalho encontrado foi o de Diniz et al. (2019). Os autores propuseram um método automático para detecção da medula espinhal em imagens de tomografia computadorizada para o planejamento da radioterapia usando *template matching* adaptativo, algoritmo IMSLIC e redes neurais convolucionais. O método foi aplicado em 36 imagens e obteve uma acurácia de 92,55%, especificidade de 92,87% e sensibilidade de 89,23% com 0,065 de falsos positivo por imagem.

Em relação à aplicação dos índices filogenéticos, Costa et al. (2018) apresentaram um método para diagnosticar nódulos pulmonares em imagens de tomografia computadorizada usando os índices filogenéticos, algoritmo genético e a máquina de vetores de suporte. O método obteve uma acurácia de 91,81%, sensibilidade de 93,42% e especificidade de 91,21%. Viana, Carvalho e Magalhães (2020) desenvolveram um método para o diagnóstico precoce do glaucoma por meio de uma rede geradora adversária e características de textura usando os índices filogenéticos. Os resultados obtidos são promissores e indicam que o método é robusto, atingindo uma acurácia de 100%. Cruz et al. (2020) descreveram um método para classificação automática da camada lipídica do filme lacrimal em imagens de interferometria utilizando os índices de diversidade filogenética e o algoritmo *random forest*, resultando em uma acurácia de 97%.

Em relação à aplicação do algoritmo XGBoost, Yu et al. (2018) desenvolveram um método para classificação da esquizofrenia em imagens de RM do cérebro, usando os descritores de textura da matriz de coocorrência no nível de cinza e o algoritmo XGBoost. Os resultados obtidos mostram que o método melhora a acurácia de classificação de indivíduos normais e indivíduos esquizofrênicos em 8% e 10,6%, respectivamente, comparados à análise manual do especialista. Nishio et al. (2018) propuseram um método para diagnosticar nódulos pulmonares em imagens de tomografia computadorizada usando uma variação da técnica padrão binário local, o algoritmo XGBoost e uma otimização *bayesiana*. O método obteve uma área sob a curva ROC, *Receiver Operating Characteristic*, de 89,6%. Por fim, Liu et al. (2019) apresentaram um método para predição de metástase

de linfonodo sentinela, no câncer de mama, em imagens de RM com melhoramento de contraste usando análise *radiomics* e o algoritmo XGBoost. O método alcançou uma acurácia de 85%, sensibilidade de 71% e especificidade de 100%.

Tabela 1 – Resumo dos trabalhos relacionados a segmentação da próstata por meio de imagens de RM 3D.

	Autores	Base de RM (Amostra)	Tipo	DSC (%)
Atlas probabilístico	Li et al. (2013)	<i>Prostate 3T</i> (30)	Automático	80,7
	Stojanov e Koceski (2014)	<i>Prostate MR Image</i> (30)	Automático	81
	Tian, Liu e Fei (2015)	Privada (12)	Automático	83,4
	Korsager et al. (2015)	Privada (67)	Automático	88
	Reis (2019)	<i>Prostate 3T</i> <i>PROMISE12</i> (108) <i>Fused-MRI-Pathology</i>	Automático	91,26
Contorno ativo	Al-Qunaieer, Tizhoosh e Rahnamayan (2014)	<i>Prostate MR Image</i> (100)	Semi-automático	80
	Tian et al. (2016)	Privada (43)	Semi-automático	89,3
	Yang, Zhan e Xie (2016)	Privada (72)	Semi-automático	91,45
	Tian et al. (2017)	Privada (12)	Semi-automático	88,9
	Yang et al. (2017)	Privada (-)	Semi-automático	92,05
Aprendizagem profunda	Yan et al. (2016)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	89
	Guo, Gao e Shen (2017)	Privada (66)	Automático	87,8
	Jia et al. (2017)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	88
	Yu et al. (2017)	<i>PROMISE12</i> (80)	Automático	89,43
	Cheng et al. (2017)	Privada (120)	Automático	89,77
	Karimi et al. (2018)	<i>PROMISE12</i> (75)	Automático	88
	Gelder e Huisman (2018)	Privada (64)	Automático	76
	Jia et al. (2018)	<i>PROMISE12</i> (100)	Automático	91
	Jensen et al. (2019)	Privada (40)	Automático	74,3
	Pan et al. (2019)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	88,6
	Wang et al. (2019)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	88
	Chen et al. (2019)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	88,12
	Jia et al. (2019)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	90,6
	Liu et al. (2020)	Privada (90)	Automático	91,6
	Comelli et al. (2021)	Privada (85)	Automático	90,8

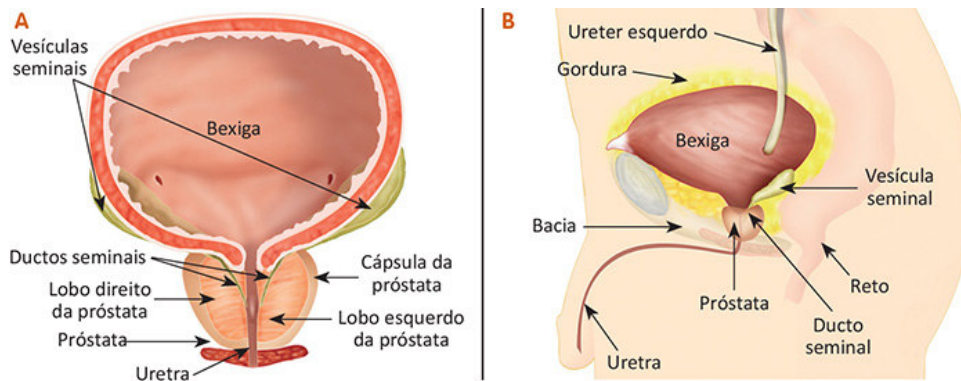
3 Fundamentação teórica

Este capítulo apresenta a fundamentação teórica utilizada no desenvolvimento deste trabalho e necessária para compreensão das técnicas utilizadas nos métodos propostos para a segmentação da próstata, por meio de imagens de RM.

3.1 Próstata

A próstata é uma glândula exócrina presente nos homens e que se localiza na parte baixa do abdômen. Ela é um órgão pequeno, tem a forma de maçã e se situa logo abaixo da bexiga e à frente do reto na parte final do intestino grosso, como ilustrado na Figura 1. A próstata envolve a porção inicial da uretra, tubo pelo qual a urina armazenada na bexiga é eliminada. Sua função é produzir e armazenar um fluido incolor e ligeiramente alcalino (pH 7,29) que constitui 10–30% do volume do fluido seminal, que juntamente com os espermatozoides, constituem o sêmen (LEE; AKIN-OLUGBADE; KIRSCHENBAUM, 2011).

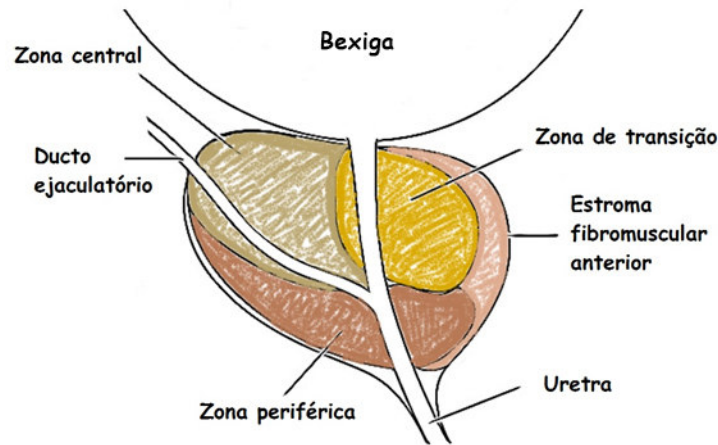
Figura 1 – Anatomia da próstata (MALUF; BUZAID; VARELLA, 2018).



Uma próstata normal pesa cerca de 20 gramas, sendo ligeiramente achatada no sentido antero-posterior. Além disso, a próstata é dividida em quatro zonas, como mostrado na Figura 2. A zona periférica compreende 70% da glândula e estende-se desde a base até o ápice da próstata. A zona central está localizada na base da próstata, entre a zona periférica e a zona de transição, inclui 25% da glândula e circunda os ductos ejaculatórios. A zona de transição forma 5% da glândula. Por último, o estroma fibromuscular anterior corresponde a superfície externa anterior da próstata (TAPIA et al., 2019). Esta divisão por zonas se deve às distinções entre os sistemas ductais da glândula que são diferentemente

afetados por processos neoplásicos. Cerca de 70% dos cânceres de próstata tem origem na zona periférica, 20% na zona de transição e 10% na zona central (MCNEAL, 1981).

Figura 2 – Zonas da próstata (SILVEIRA; ZAIDAN, 2018).

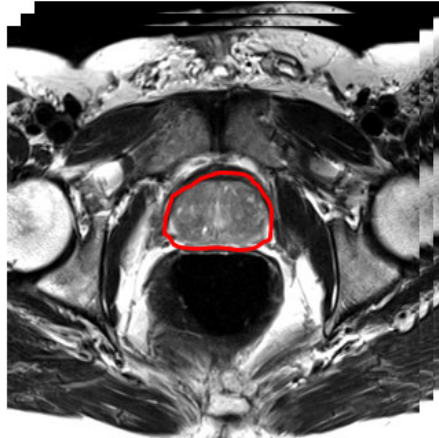


3.2 Ressonância magnética

A ressonância magnética (RM) é um exame de imagem capaz de mostrar com definição as estruturas internas dos órgãos, cujo princípio físico tem por base a interação de campos magnéticos, pulsos de radiofrequência e núcleos atômicos (HAGEI; IWASAKIII, 2009; RIBEIRO, 2018). A RM é o resultado da interação do forte campo magnético produzido pelo equipamento com os prótons de hidrogênio do tecido humano, criando uma condição para enviar um pulso de radiofrequência e, após, coletar a radiofrequência modificada, através de uma bobina ou antena receptora, é processado e convertido numa imagem (MAZZOLA, 2009). A Figura 3 ilustra um exemplo de RM com a região da próstata delineada em vermelho.

A RM é hoje um método de diagnóstico por imagem estabelecido na prática clínica e em crescente desenvolvimento. Devido a alta capacidade de diferenciar tecidos moles, o espectro de aplicações se estende a todas as partes do corpo humano e explora aspectos anatômicos e funcionais, sendo importante para diagnosticar vários problemas de saúde, como aneurismas, tumores, alterações nas articulações ou outras lesões nos órgãos internos (MAZZOLA, 2009). Como principais vantagens da RM, destacam-se:

Figura 3 – Exame de RM com a região da próstata delineada em vermelho.



1. Não utilização de radiação ionizante, aplicada na tomografia computadorizada e no raio X, e, portanto, mais adequada para crianças, gestantes e indivíduos que necessitam fazer muitos exames de imagem.
2. Alta resolução espacial, de modo a permitir a visualização de lesões que provavelmente não seriam identificadas por outros métodos de imagem como ultrassonografia, cintilografia, raios X e até a própria tomografia computadorizada.
3. A base do contraste aplicado na RM é o gadolínio, enquanto na tomografia computadorizada é o iodo, o que pode ser um atrativo para quem tem histórico de alergia ao contraste.

Todo o processo de aquisição de imagens por RM é realizado por um aparelho chamado scanner de RM. Os scanners de RM são equipados por um íma que produz campo magnético em torno de 0,2T a 7T, um transmissor de radiofrequência que gera as ondas de radiofrequência, um sistema de gradiente que permite a variação do campo magnético em uma direção particular, um sistema de detecção dos sinais de retorno gerados e um sistema que produz as imagens (HAGEI; IWASAKIII, 2009). A Figura 4 mostra um exemplo de scanner de RM.

A RM baseia-se na interação dos átomos de hidrogênio de um potente campo magnético externo quando submetidos a um pulso de radiofrequência. Os átomos de hidrogênio estão constantemente a rodar sobre um eixo, ou seja, possuem um *spin* ou precessão (HAGEI; IWASAKIII, 2009). Trata-se de uma carga elétrica em movimento que produz um campo magnético. As ponderações T1 e T2 são sequências de contraste que medem as diferenças dos parâmetros T1 e T2 de cada tecido. O T1 representa as trocas

Figura 4 – Scanner de RM (SOLUTIONS, 2008).



de energia do núcleo de hidrogênio com o seu meio ambiente e o T2 representa as trocas de energia entre núcleos adjacentes (RIBEIRO, 2018).

3.3 Formato DICOM

Com o surgimento das imagens médicas digitais na década de 1970 e o crescente uso de computadores para aplicações clínicas, o *National College of Radiography* (NCR) e a *National Electrical Manufacturers Association* (NEMA) reconheceram a emergente necessidade de um método padrão para a transferência de imagens e informações associadas entre dispositivos fabricados por diversos fornecedores (JR; HORII, 1992; HERRMANN et al., 2018).

O NCR e a NEMA formaram uma comissão conjunta em 1983 para desenvolver um padrão com os seguintes objetivos:

- Promover a comunicação de informação de imagem digital, independentemente do fabricante do dispositivo;
- Facilitar o desenvolvimento e a expansão de arquivamento de imagens e sistemas de comunicação;
- Permitir a criação de bases de informações de dados de diagnóstico que podem ser acessados por uma grande variedade de dispositivos distribuídos geograficamente.

Este padrão é atualmente denominado *Digital Imaging Communications in Medicine* (DICOM) (HERRMANN et al., 2018), que incorpora uma série de melhorias importantes comparado as versões anteriores do padrão NCR-NEMA.

- Aplicável a um ambiente de rede e comunicação *off-line*;
- Especifica como os dispositivos em conformidade com a norma reagem a comandos e dados a serem trocados;
- Estruturado como um documento de peça múltipla;
- Introduz objetos de informação explícita não só para imagens e gráficos, mas também para formas de onda, relatórios, impressão, entre outros;
- Estabelece uma técnica para identificar exclusivamente qualquer objeto de informação. Isso facilita as definições inequívocas de relações entre objetos de informação à medida que são colocadas em prática em toda a rede.

Cada arquivo DICOM, ao contrário da maioria dos outros padrões para imagens médicas, é composto por um cabeçalho e um corpo. O cabeçalho contém informações úteis na interpretação do conteúdo do corpo do arquivo. Nele, pode-se encontrar o tamanho da imagem, o nível de compressão, a data do exame, entre outras informações. O corpo carrega a imagem propriamente dita e pode ser armazenado tanto em formato não processado quanto compactado em formato JPEG (HERRMANN et al., 2018).

3.4 Processamento de imagens digitais

O processamento digital de imagens consiste em um conjunto de técnicas para capturar, representar e transformar imagens com o auxílio do computador. Essas técnicas permitem extrair e identificar informações das imagens e melhorar a qualidade visual de certos aspectos estruturais, facilitando a percepção humana e a interpretação automática por meio de máquinas (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

A formação de uma imagem digital é definida como uma função bidimensional, em que x e y são coordenadas espaciais e a amplitude de f em um par de coordenadas (x, y) é denominada intensidade ou nível de cinza da imagem naquele ponto (GONZALEZ; WOODS, 2009). Em imagens tridimensionais (3D), como as imagens de RM utilizadas neste trabalho, essa representação elementar do ponto, agora com coordenadas espaciais x , y e z , é chamada de *voxel*.

O processamento de imagens consiste em várias etapas, onde o resultado gerado por uma etapa é utilizado como entrada na etapa posterior. Nem sempre o resultado gerado é uma imagem. Sendo que ao fim de todas as etapas, o resultado pode ser ou não representado por uma imagem digital. As etapas que compõem uma metodologia de processamento de imagens são:

1. Aquisição das imagens: as imagens são capturas por meio de um dispositivo ou sensor e convertidas para uma representação adequada para um processamento subsequente.
2. Pré-processamento: tem o objetivo de melhorar a imagem por meio de técnicas para realce do contraste, diminuição do ruído e suavização de determinadas estruturas da imagem.
3. Segmentação: consiste na identificação e extração de áreas de interesse contidas na imagem, ou seja, a segmentação tem a função de dividir a imagem, isolando os diferentes objetos que a compõem.
4. Representação e descrição: conhecida como extração de características, pois procura extrair informações que possam ser utilizadas na discriminação entre classes de objetos.
5. Reconhecimento e interpretação: o reconhecimento é o processo que atribui um identificador aos objetos da imagem. A interpretação consiste em atribuir um significado ao conjunto de objetos reconhecidos.

3.4.1 Especificação do histograma

Um histograma de uma imagem digital com níveis de intensidade variando no intervalo de $[0, L - 1]$ é dado pela expressão $h(r_k) = n_k$, onde r_k é o k -ésimo nível de intensidade e n_k é a quantidade de *pixels* da imagem com intensidade r_k (GONZALEZ; WOODS, 2009). Assim, o histograma corresponde à distribuição dos níveis de intensidade da imagem, o qual é representado por um gráfico indicando o número de *pixels*, eixo vertical, para cada nível de intensidade, eixo horizontal (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

A especificação do histograma, do inglês *histogram matching* (HM), é o processo de transformar o histograma de uma imagem origem para corresponder ao histograma de uma determinada imagem de referência, para que ambas apresentem uma distribuição de *pixels* semelhante (GONZALEZ; WOODS, 2009). Para especificar o histograma de uma determinada

imagem, $h_i(x)$, com o histograma de uma imagem de referência, $h_o(y)$, primeiro deve-se equalizar o histograma $h_i(x)$ para obter um histograma intermediário $h^*(z)$.

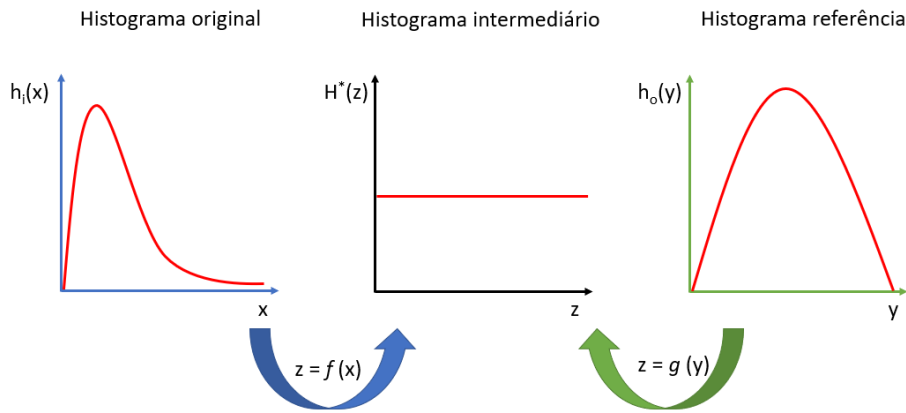
A expressão para calcular esse mapeamento é:

$$y(i) = \frac{L-1}{N} \sum_{i=0}^{L-1} n_i \quad (1)$$

onde n_i representa o número de *pixels* com nível i e N o total de *pixels* da imagem com L níveis de cinza.

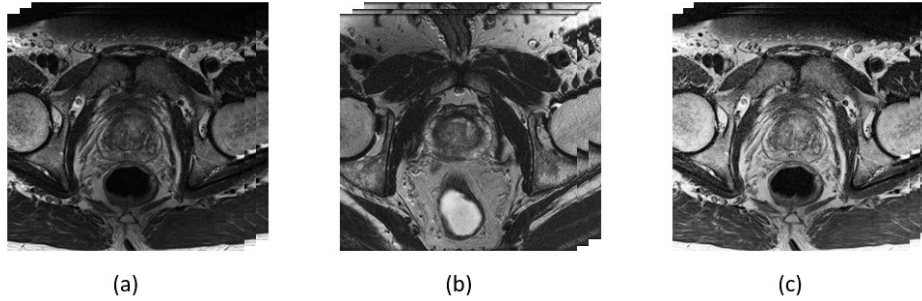
A transformação $z = f(x)$ equaliza o histograma original $h_i(x)$ para o histograma intermediário $h^*(z)$ e $z = g(y)$ equaliza o histograma $h_o(y)$. Então, o mapeamento global dos níveis de intensidade necessários para produzir $h_o(y)$ a partir de $h_i(x)$ é obtido utilizando a transformação inversa $y = g^{-1}\{f(x)\}$. Isso representa o mapeamento dos valores da imagem de entrada equalizada para seus valores mais próximos no histograma especificado, como ilustrado na Figura 5.

Figura 5 – Especificação do histograma.



A técnica de especificação do histograma foi utilizada neste trabalho na etapa de melhoramento, juntamente com o algoritmo de otimização por enxame de partículas (PSO), para a otimização da escolha e ordem das técnicas de melhoramento aplicadas. A seleção dessa técnica de melhoramento tem como objetivo mapear as intensidades inter-exames de RM baseado em um exame de referência de RM. A Figura 6 ilustra um exemplo da aplicação.

Figura 6 – Aplicação da técnica especificação do histograma. (a) Imagem de entrada, (b) imagem de referência, e (c) imagem de entrada com o histograma especificado baseado na imagem de referência.



3.4.2 Quantização uniforme

Uma imagem digital é discretizada espacialmente em x e y , e também em amplitude f de intensidade luminosa. A discretização em amplitude é conhecida como quantização, e a outra, denominada amostragem (GONZALEZ; WOODS, 2009).

A quantização uniforme, do inglês *uniform quantization* (UQ), consiste em dividir a escala de cinza da imagem em intervalos iguais, em que cada intervalo é mapeado para um valor de cinza na imagem quantizada, de modo que a escala de cinza da imagem quantizada é dada por $[0, L' - 1]$, sendo o nível de cinza da imagem quantizada L' menor do que da imagem original L , ou seja, $L' < L$ (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

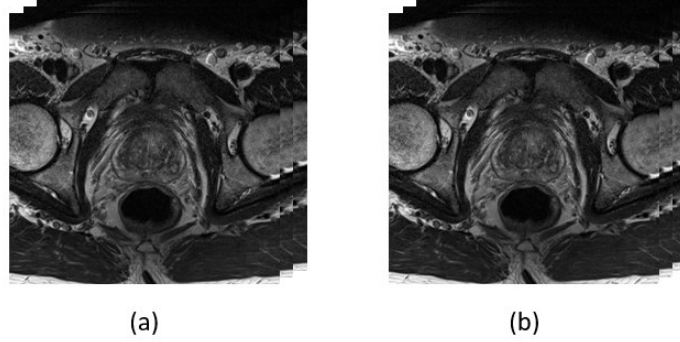
A expressão para calcular esse mapeamento é:

$$q(i, j) = (2^b - 1) \frac{p(i, j) - I_{min}}{I_{max} - I_{min}} \quad (2)$$

onde $q(i, j)$ é o nível de cinza do *pixel* (i, j) da imagem quantizada, $p(i, j)$ é o nível de cinza do *pixel* (i, j) da imagem original, $[I_{min}, I_{max}]$ é a escala de cinza da imagem original, e b é o número de *bits* necessário para armazenar cada *pixel* da imagem quantizada.

A técnica de quantização uniforme em 8 *bits* foi utilizada neste trabalho na etapa de melhoramento, juntamente com o algoritmo PSO, para a otimização da escolha e ordem das técnicas de melhoramento aplicadas. A seleção dessa técnica de melhoramento tem como objetivo normalizar as intensidades intra-exames de RM entre 0 e 255. A Figura 7 ilustra um exemplo da aplicação.

Figura 7 – Aplicação da técnica quantização uniforme em 8 *bits*. (a) Imagem de entrada de 16 *bits* e (b) imagem de entrada quantizada em 8 *bits*.



3.4.3 Difusão anisotrópica do gradiente

A difusão anisotrópica do gradiente, do inglês *gradient anisotropic diffusion* (GAD), é uma técnica para suavização de imagens, que tem como principal vantagem a preservação das bordas, diferentemente das técnicas de filtragem tradicionais. Essa característica é muito importante quando se deseja distinguir entre as estruturas anatômicas, entretanto, este filtro pode alterar aspectos sutis das formas anatômicas filtradas (PERONA; MALIK, 1990).

Este filtro parte da modelagem da visão humana por um processo similar à difusão não-linear. A motivação para a difusão anisotrópica é que uma imagem suavizada por uma função gaussiana é análoga ao único passo temporal da solução para a equação de calor, que tem a imagem original como condições iniciais (WEICKERT, 1997). Isto leva a solução da equação diferencial parcial descrita na Equação 3.

$$\frac{\partial g(x, y, t)}{\partial t} = \nabla \cdot c(x, y, t) \nabla g(x, y, t) \quad (3)$$

onde $g(x, y, t) = I(x, y) \otimes G(\sqrt{2t})$, sendo $I(x, y)$ a imagem de entrada e $G(\sqrt{2t})$ uma função gaussiana de largura $\sqrt{2t}$. O termo $c(x, y, t)$ é definido como o coeficiente de difusão que controla a taxa de difusão.

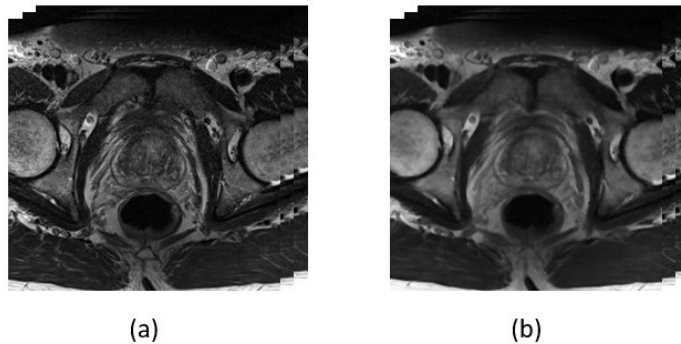
A escolha do coeficiente de difusão é baseada numa função de gradiente, preservando assim as bordas. A função mais utilizada é a proposta por Perona e Malik (1990) definida pela Equação 4.

$$c(\|\nabla I(x, y)\|) = e^{-\left(\frac{\|\nabla I(x, y)\|}{k}\right)^2} \quad (4)$$

onde k é a constante de condutância. Além desse parâmetro, o filtro requer mais dois parâmetros, o número de iterações e o passo temporal, t .

A técnica de difusão anisotrópica do gradiente foi utilizada neste trabalho na etapa de melhoramento, juntamente com o algoritmo PSO, para a otimização da escolha e ordem das técnicas de melhoramento aplicadas. A seleção dessa técnica de melhoramento tem como objetivo reduzir os ruídos presentes na imagem, preservando as bordas da próstata. A Figura 8 ilustra um exemplo da aplicação.

Figura 8 – Aplicação da técnica difusão anisotrópica do gradiente. (a) Imagem de entrada e (b) imagem de entrada filtrada.



3.4.4 Correção de *bias field*

A heterogeneidade de intensidade, ou simplesmente *bias field*, é um efeito indesejável produzido por scanners de RM e que degradam as imagens. O *bias field* é um sinal de baixa frequência, de variação suave e multiplicativo, causado por alguns fatores, tais como modificações das linhas do campo magnético, devido à presença do paciente no scanner de RM e a assimetria das bobinas (JUNTU et al., 2005).

A correção de *bias field*, do inglês *bias field correction* (BFC), é um procedimento para estimar o campo aditivo na imagem e reduzir seu efeito colateral (ZHANG et al., 2014). As abordagens de correção de *bias field* existentes podem ser categorizadas em prospectivas e retrospectivas. As abordagens prospectivas propõem-se calibrar e melhorar o processamento de aquisição de imagens nos scanners de RM. No entanto, essa abordagem não corrige a heterogeneidade induzida pela presença do paciente no scanner de RM (VOVK; PERNUK; LIKAR, 2007).

Por outro lado, as abordagens retrospectivas se baseiam apenas nas imagens adquiridas e, às vezes, de algum conhecimento prévio. Assim, elas são relativamente mais

gerais e podem ser usadas para corrigir a heterogeneidade induzida pelo paciente durante o exame. As abordagens retrospectivas podem ser baseadas em filtragem, histograma ou segmentação (TUSTISON et al., 2010). Neste contexto surgiram os filtros de normalização não uniforme e não parametrizada N3 (SLED; ZIJDENBOS; EVANS, 1998) e N4 (TUSTISON et al., 2010).

3.4.4.1 Filtro de correção de *bias field* N4

O filtro de correção de *bias field* N4, proposto por Tustison et al. (2010), é uma extensão do filtro de correção N3 original com os benefícios adicionais de uma rotina de ajuste *B-spline* aprimorada que permite que resoluções múltiplas sejam usadas durante o processo de correção. Ambos os filtros, N3 e N4, assumem o seguinte modelo de formação de imagem.

$$v(x) = u(x)f(x) + n(x) \quad (5)$$

onde, u é a imagem não corrompida, f é o *bias field*, n é o ruído (assumido como Gaussiano) e v é a imagem atual. O algoritmo trabalha com o logaritmo da imagem, com $\hat{u} = \log(u)$, o que a torna menos sensível ao contraste. Se ignorar o ruído:

$$\hat{v}(x) = \hat{u}(x) + \hat{f}(x) \quad (6)$$

O filtro de correção N3 aplica a seguinte solução iterativa:

$$\hat{u}^n = \hat{v} - \hat{f}_e^n = \hat{v} - S\{\hat{v} - E[\hat{u}|\hat{u}^{n-1}]\} \quad (7)$$

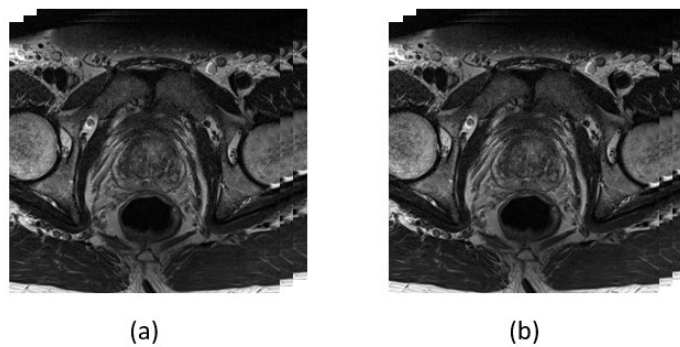
onde $\hat{f}_e^n$ é a estimativa inicial do *bias field* (geralmente definido como zero), S é o operador de suavização (um aproximador *B-spline*) e $E[\hat{u}|\hat{u}^{n-1}]$ é o valor esperado da imagem dada a corrente estimativa da imagem corrigida. O filtro de correção N4 faz a seguinte melhoria:

$$\hat{u}^n = \hat{u}^{n-1} - \hat{f}_r^n = \hat{u}^{n-1} - S^*\{\hat{u}^{n-1} - E[\hat{u}|\hat{u}^{n-1}]\} \quad (8)$$

onde S^* é um aproximador *B-spline* diferente (mais robusto) e $\hat{f}_r^n$ é o *bias field* residual estimado na n^{th} iteração. A vantagem do N4 sobre o N3 é uma convergência melhor e mais rápida, bem como maior robustez ao ruído.

A técnica de correção de *bias field* N4 foi utilizada neste trabalho na etapa de melhoramento, juntamente com o algoritmo PSO, para a otimização da escolha e ordem das técnicas de melhoramento aplicadas. A seleção dessa técnica de melhoramento tem como objetivo tornar os níveis de intensidade da RM mais próximos para um mesmo tipo de textura na imagem, além de corrigir as diferenças de iluminação. A Figura 9 ilustra um exemplo da aplicação.

Figura 9 – Aplicação da técnica correção de *bias field*. (a) Imagem de entrada e (b) imagem de entrada corrigida.



3.4.5 *Superpixels*

O conceito de *superpixels* pode ser definido como uma abordagem de segmentação por região, que consiste em particionar a imagem em vários agrupamentos de *pixels*, baseado em um ou mais critérios significativos (REN; MALIK, 2003). O objetivo desse agrupamento é capturar as redundâncias presentes na imagem, formando regiões atômicas nas quais os *pixels* agrupados possuem informações relacionadas e reduzir consideravelmente a complexidade das tarefas de processamento de imagens (ACHANTA et al., 2012).

3.4.5.1 Agrupamento iterativo linear simples

A técnica de agrupamento iterativo linear simples, do inglês *simple linear iterative clustering* (SLIC), foi proposta por Achanta et al. (2012) para extração de *superpixels* em imagens coloridas, considerando o sistema de cores CIELAB. Esta abordagem é baseada no algoritmo de agrupamento *k-means* (ALSABTI; RANKA; SINGH, 1997), mas emprega um espaço de busca mais eficiente, visto que seu tamanho é limitado, reduzindo o custo computacional.

O algoritmo SLIC consiste nas seguintes etapas:

1. A imagem de entrada é convertida para o sistema de cores CIELAB.
2. Em seguida, um total de $k * k$ centros de agrupamentos $c_i = [l_i, a_i, b_i, u_i, v_i]^T$ iniciais são amostrados em uma malha regular espaçada em $S = \sqrt{\frac{N}{k}}$ *pixels* separados.
3. Opcionalmente, os centros podem ser movidos para a posição de menor gradiente, numa vizinhança 3 x 3, para evitar a inicialização em um *pixel* com muito ruído.
4. A seguir, no passo de atribuição, cada *pixel* é associado com o centro do agrupamento mais próximo de acordo com uma medida de distância D , mas considerando apenas os centros cuja região de $2S \times 2S$ *pixels* sobrepõe a sua localização.
5. Depois disso, um passo de atualização ajusta os centros dos grupos a um vetor $[l, a, b, u, v]^T$ da média de todos os *pixels* que pertencem ao agrupamento.
6. Os passos 4 e 5 são então repetidos para um total de 10 iterações.

A medida de distância D pode ser descrita pela Equação 11.

$$d_c = \sqrt{(l_i - l_j)^2 + (a_i - a_j)^2 + (b_i - b_j)^2}, \quad (9)$$

$$d_s = \sqrt{(x_i - x_j)^2 + (y_i - y_j)^2}, \quad (10)$$

$$D = \sqrt{d_c^2 + \left(\frac{d_s}{S}\right)^2 * m^2}, \quad (11)$$

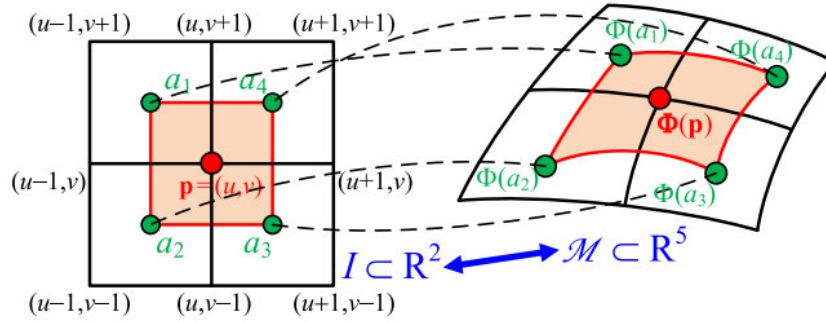
onde m representa a importância relativa entre a dissimilaridade de cor d_c e a distância espacial d_s . Quando m é grande, os *superpixels* resultantes são mais compactos, em contrapartida, quando m é pequeno, os *superpixels* apresentam uma melhor aderência para as bordas dos objetos presentes na imagem, mas com tamanho e forma irregulares.

3.4.5.2 Agrupamento iterativo linear simples de superfície intrínseca

A técnica de agrupamento iterativo linear simples de superfície intrínseca, do inglês *intrinsic manifold simple linear iterative clustering* (IMSLIC), proposta por Liu et al. (2018), é uma extensão da técnica de *superpixels* SLIC. O algoritmo IMSLIC calcula os *superpixels* sensíveis ao conteúdo usando um mapa de alongamento $\Phi : I \rightarrow \mathbb{R}^5$ para mapear *pixels* combinando informação espacial e o sistema de cores CIELAB, enquanto herda

todas as características do SLIC, como simplicidade e alta performance. O mapeamento dos *pixels* é ilustrado na Figura 10.

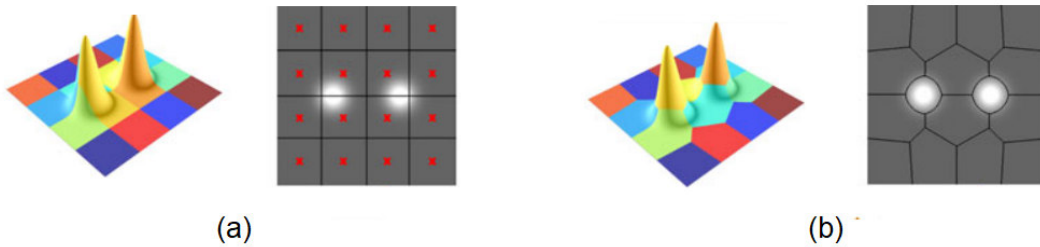
Figura 10 – Mapeamento dos *pixels* (LIU et al., 2018).



Segundo Liu et al. (2018), o algoritmo IMSLIC apresenta as seguintes melhorias em comparação ao algoritmo SLIC.

1. Inicialização aleatória dos k centros de agrupamentos baseado na distribuição uniforme usando o algoritmo de otimização local Lloyd (LLOYD, 1982), como mostrado na Figura 11.
2. No passo de atribuição, cada *pixel* é associado com o centro de agrupamento mais próximo de acordo com a medida de distância do diagrama de Voronoi centroidal geodésico (PEYRE; COHEN, 2004), ao invés da distância Euclidiana. O uso da medida geodésica garante a conectividade única de cada célula de Voronoi.

Figura 11 – Inicialização dos centros de agrupamentos. (a) Algoritmo SLIC e (b) algoritmo IMSLIC (LIU et al., 2018).



A técnica de *superpixels* IMSLIC foi aplicada neste trabalho na etapa de segmentação da próstata para agrupar os *pixels* das imagens de RM, reduzindo o custo computacional e aumentando a precisão da detecção.

3.4.6 Análise de textura

Segundo Haralick, Shanmugam e Dinstein (1973), a textura é definida como a característica de uma região relacionada a coeficientes de uniformidade, densidade, aspereza, regularidade, intensidade, entre outras características da imagem. A análise de textura é relevante em imagens digitais, uma vez que possibilita distinguir regiões da imagem que apresentam as mesmas características de padrões (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

Uma forma clássica de quantificação da textura numa imagem em níveis de cinza é a abordagem estatística, a qual propicia a descrição da textura através das regras estatísticas que regem tanto a distribuição quanto a relação entre os diferentes níveis de cinza de uma região da imagem (GONZALEZ; WOODS, 2009).

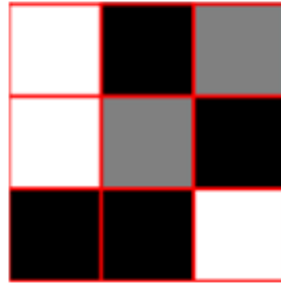
3.4.6.1 Índice de diversidade

A diversidade é um termo frequentemente usado na área da Ecologia. O objetivo de um índice de diversidade é descrever a variedade de espécies presentes em uma comunidade ou região (MAGURRAN, 2005). Segundo Magurran (2005), o conceito de comunidade é definido como um conjunto de espécies que ocorrem em um determinado lugar e tempo. As medições como a variância e o desvio padrão que são calculadas em estudos estatísticos, apresentam valores que medem a variabilidade quantitativa, enquanto que os índices de diversidade descrevem a variabilidade qualitativa.

A diversidade é medida através de duas informações: a riqueza de espécies, que representa o número de espécies contidas em determinada região e a abundância relativa, que refere-se ao número de indivíduos de uma determinada espécie existente em uma região (PIANKA, 2011).

Para utilizar os índices de diversidade em imagens digitais, é necessário realizar uma analogia entre suas propriedades, isto é, a comunidade é representada por uma imagem ou região da mesma, as espécies são os níveis de cinza e os indivíduos sendo os *pixels* de uma determinada espécie. A Figura 12 ilustra um exemplo dessa analogia.

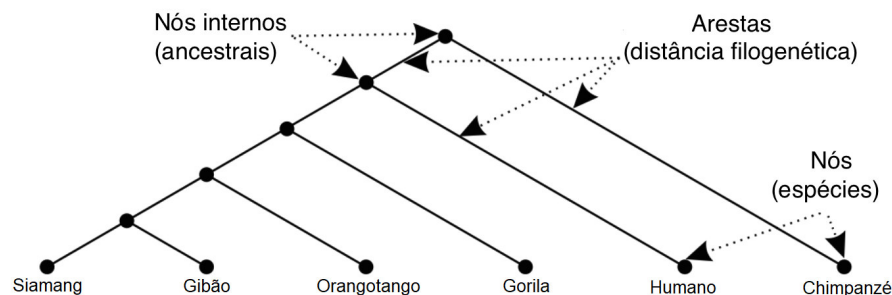
Figura 12 – Exemplo de uma imagem que possui três níveis de cinza: preto, cinza e branco, representando as espécies. A quantidade de *pixels*, ou seja, indivíduos, da espécie preto é 4, de cinza é 2 e de branco é 3 (CARVALHO, 2016).



3.4.6.2 Diversidade filogenética

A filogenia é um ramo da biologia responsável pelo estudo das relações evolutivas entre as espécies, pela verificação dos relacionamentos entre elas, a fim de determinar possíveis ancestrais comuns (BAXEVANIS; OUELLETTE, 2004). Uma árvore filogenética, ou simplesmente filogenia, é uma árvore onde as folhas representam os organismos e os nós internos representam supostos ancestrais. As arestas da árvore denotam as relações evolutivas. A Figura 13 apresenta um exemplo de árvore filogenética, onde se verifica o relacionamento genético entre espécies de macacos e a espécie humana, em que é possível observar que o homem e o chimpanzé são geneticamente mais próximos que os outros pares presentes na árvore (BAXEVANIS; OUELLETTE, 2004).

Figura 13 – Exemplo de árvore filogenética para alguns primatas adaptada de (BAXEVANIS; OUELLETTE, 2004).

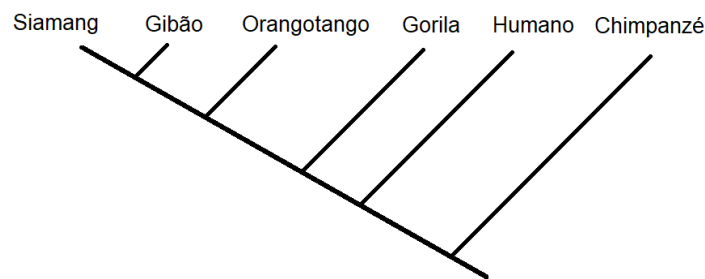


De maneira geral, a diversidade não pode ser medida apenas com a utilização de dados como a abundância e a riqueza de espécies, cada vez mais o parâmetro filogenético vem sendo inserido nesse cálculo (CLARKE; WARWICK, 1998). A diversidade filogenética é uma medida da diversidade de uma comunidade que incorpora as relações filogenéticas das espécies (MAGURRAN, 2005). A combinação da abundância das espécies com a proximidade

filogenética para gerar um índice de diversidade é denotada diversidade taxonômica. Segundo Vandamme et al. (1996), a diversidade taxonômica baseia-se no conjunto das distâncias entre os pares de espécies acumuladas a partir das árvores filogenéticas.

Uma das formas de representar a árvore filogenética é através do cladograma, que é um diagrama representativo das relações ancestrais entre organismos. Nesta tese, utilizou-se a topologia de um cladograma mais específico, o enraizado na forma de cladograma inclinado, para a representação da imagem de RM. Esse tipo de árvore é mostrado na Figura 14, que descreve a sequência evolutiva de alguns primatas.

Figura 14 – Árvore filogenética na forma de cladograma inclinado adaptada de (BAXEVANIS; OUELLETTE, 2004).



Árvores filogenéticas combinadas com os índices de diversidade filogenética são usados na Ecologia para comparar padrões de comportamento entre as espécies de diferentes áreas. Para implementar essa ideia, o primeiro passo é fazer uma correspondência entre os termos usados na Ecologia e os utilizados neste trabalho. A Tabela 2 descreve essa correspondência.

Tabela 2 – Correspondência entre os termos da Ecologia e o método proposto.

Ecologia	Método proposto
Comunidade	<i>Superpixel</i>
Espécies	Níveis de intensidade no <i>superpixel</i>
Indivíduos	Quantidade de <i>pixels</i> de uma determinada espécie no <i>superpixel</i>
Riqueza de espécie	Número de <i>pixels</i> presentes no <i>superpixel</i>
Abundância relativa	Número de <i>pixels</i> presentes no <i>superpixel</i> da mesma espécie

3.4.6.2.1 Índices de diversidade filogenética baseados na riqueza de espécies

A relação entre dois organismos escolhidos aleatoriamente em uma filogenia existente em uma comunidade é apresentada pelos índices de diversidade taxonômica (Δ) e distinção taxonômica (Δ^*) (CLARKE; WARWICK, 1998). Esses índices possuem três fatores essenciais

para sua aplicação: número de espécies, número de indivíduos, bem como a estrutura de ligação das espécies, ou seja, o número de arestas.

O índice de diversidade taxonômica (Δ) considera a abundância das espécies e a relação taxonômica entre eles. Portanto, o seu valor expressa a distância taxonômica média entre quaisquer dois indivíduos, escolhidos aleatoriamente em uma amostra (CLARKE; WARWICK, 1998). Esse índice é definido pela Equação 12.

$$\Delta = \frac{\sum \sum_{i < j} w_{ij} x_i x_j}{[n(n-1)/2]} \quad (12)$$

onde $x_i (i = 0, \dots, s)$ é a abundância (número de *pixels*) da i -ésima espécie, $x_j (j = 0, \dots, s)$ representa a abundância da j -ésima, s indica o número de espécies, n é o total do número de indivíduos e w_{ij} é a distância entre a espécie i para a espécie j na classificação taxonômica.

O índice de distinção taxonômico (Δ^*), por sua vez, representa a distância taxonômica média entre dois indivíduos, com a restrição de que pertençam a espécies diferentes (CLARKE; WARWICK, 1998). A Equação 13 define esse índice.

$$\Delta^* = \frac{\sum \sum_{i < j} w_{ij} x_i x_j}{\sum \sum_{i < j} x_i x_j} \quad (13)$$

onde $x_i (i = 0, \dots, s)$ é a abundância (número de *pixels*) da i -ésima espécie, $x_j (j = 0, \dots, s)$ é a abundância da j -ésima espécie, s indica o número de espécies e w_{ij} é a distância entre as espécies i e j .

3.4.6.2.2 Índices de diversidade filogenética baseados na distância entre pares de espécies

Muitos estudos ecológicos, especialmente os de grande escala, dependem da riqueza de espécies como medida de biodiversidade. No entanto, o uso de riqueza de espécies como o único reflexo da biodiversidade pode ser de valor limitado, uma vez que trata todas as espécies como sendo iguais e não leva em consideração as relações filogenéticas (VANE-WRIGHT; HUMPHRIES; WILLIAMS, 1991).

No trabalho de Sechrest et al. (2002) foi demonstrado que pontos de biodiversidade em todo o mundo mostram maiores quantidades de história evolutiva do que se conseguiria baseado apenas na riqueza das espécies. Strauss, Webb e Salamin (2006) apresenta que o grau de distância filogenética pode determinar o sucesso de invasão de espécies e subespécies exóticas. Por isso, a informação filogenética pode ser um melhor indicador do valor de

preservação do que unicamente a riqueza de espécies. A aplicação das informações obtidas por relações filogenéticas representam uma abordagem promissora (WEBB et al., 2002).

Os estudos que verificam as relações de distância entre os pares são baseadas em uma matriz de distância entre todas as espécies de uma comunidade. As distâncias podem basear-se em diferenças morfológicas ou funcionais (IZSÁKI; PAPP, 1995), no comprimento dos ramos das relações filogenéticas baseadas em dados moleculares (SOLOW; POLASKY; BROADUS, 1993) ou, se os comprimentos dos ramos não são conhecidos, sobre o número de nós que separam cada par de espécies (FAITH, 1992). Os valores dentro da matriz de distância podem ser interpretados como a distinção entre cada par de espécies ou de cada espécie em particular para todas as outras (RAO, 1982).

Esses índices baseiam-se nas distâncias entre pares de espécies: entropia quadrática intensiva (IZSÁK; PAPP, 2000), a entropia quadrática extensiva (IZSÁK; PAPP, 2000), a distinção taxonômica média (CLARKE; WARWICK, 1998), a distinção taxonômica total (CLARKE et al., 2014), e a diversidade pura (WEITZMAN, 1992).

A entropia quadrática intensiva (J) foi proposta inicialmente por Izsák e Papp (2000) com intuito de realizar uma possível ligação entre os índices de diversidade e os índices de medidas de biodiversidade. Quando se tem os mesmos valores de abundância (hipotética ou formal), o índice J (Equação 14) será uma função que representa o número de espécies e as suas relações taxonômicas. Dessa forma, expressando a distância taxonômica média entre duas espécies escolhidas aleatoriamente, as relações entre as espécies influenciam no valor de J , ao contrário de outros índices de diversidade (IZSÁK; PAPP, 2000).

$$J = \left[\sum d_{i,j} \right] / s^2 \quad (14)$$

onde $d_{i,j}$ representa a distância entre as espécies i e j , e s representa o número de espécies.

Em relação às propriedades do índice, monotocidade é uma propriedade geralmente necessária para as medidas de diversidade. Dessa forma, representando uma medida por I , essa propriedade significa que: $I(A \cup \{x\}) > I(A)$. Isso garante que o valor do índice irá aumentar, adicionando uma nova espécie x a um conjunto de espécies A . O índice J não irá satisfazer esse requisito. Ou seja, o índice J não é um índice de diversidade ideal. Para resolver isso, foi utilizada, a partir do índice J , a entropia quadrática extensiva (F) (IZSÁK; PAPP, 2000), que representa a soma das diferenças das espécies. A monotocidade é aplicada

ao índice F , pois, para qualquer conjunto de espécies A e uma nova espécie x , o valor será alterado. A Equação 15 define o índice F ,

$$F = \sum d_{i,j}, \quad (15)$$

onde $d_{i,j}$ representa a distância entre as espécies i e j .

Os índices de distinção taxonômica média, do inglês *Average Taxonomic Distinction* (AvTD) (CLARKE; WARWICK, 1998), e distinção taxonômica total, do inglês *Total Taxonomic Distinction* (TTD) (CLARKE et al., 2014), foram originalmente desenvolvidos com base em relações taxonômicas. No entanto, eles podem ser facilmente adaptados às informações filogenéticas (SCHWEIGER et al., 2008). O índice AvTD indica a distância taxonômica média entre quaisquer duas espécies escolhidas aleatoriamente (CLARKE; WARWICK, 1998). Já o índice TTD representa a distinção média filogenética somada ao longo de todas as espécies. As Equações 16 e 17 definem esses índices, respectivamente,

$$AvTD = \left[\sum \sum_{i < j} d_{ij} \right] / [s(s-1)/2] \quad (16)$$

e

$$TTD = \sum_i \left[\left(\sum_{j \neq i} d_{ij} \right) / (s-1) \right], \quad (17)$$

onde $d_{i,j}$ representa a distância entre as espécies i e j , e s representa o número de espécies.

Por fim, tem-se o índice de diversidade pura (D_D), que é responsável por averiguar o valor da distância de uma espécie para seu vizinho mais próximo (WEITZMAN, 1992). O índice (D_D) é calculado pela Equação 18,

$$D_D = \sum d_{i \min}, \quad (18)$$

onde $d_{i \min}$ indica a distância do vizinho mais próximo da espécie i para todas as outras espécies.

3.4.6.2.3 Índices de diversidade filogenética baseados na topologia

O estudo realizado por Vane-Wright, Humphries e Williams (1991) foi um dos primeiros a propor a aplicação de métodos baseados na topologia, que refletem a ordem

de ramificação filogenética dentro de um grupo. Nessa abordagem, cada espécie de uma comunidade é ponderada pelo número de nós entre a espécie e a raiz da árvore filogenética. Dessa maneira, as espécies com os maiores pesos são as que possuem maior distância da raiz.

Os índices soma básica dos pesos (Q) e soma dos pesos normalizados (W) se baseiam na topologia da árvore que relaciona as espécies presentes em toda a comunidade, com isso, esses índices mencionam o grau de parentesco (similaridade) entre as espécies (VANE-WRIGHT; HUMPHRIES; WILLIAMS, 1991).

O índice Q, definido na Equação 19, representa o quociente entre a totalidade de nós para todo o grupo dividido pelo número de nós entre a raiz e uma espécie, ou seja, a soma das contribuições de cada espécie para a diversidade. O índice W, definido pela Equação 20, indica o peso normalizado para cada espécie, isto é, os valores de Q de cada espécie dividido pelo valor de Q_{min} .

$$\begin{aligned} Q &= \sum Q_i, \\ Q_i &= I/I_i, \\ I &= \sum I_i, \end{aligned} \tag{19}$$

onde Q_i representa o quociente do total de nós dos caminhos partindo da raiz até todas as espécies da árvore filogenética por I_i , que é o número de nós entre a raiz e a espécie i .

$$\begin{aligned} W &= \sum W_i, \\ W_i &= Q_i/Q_{min}, \end{aligned} \tag{20}$$

onde Q_{min} representa o quociente do mínimo caminho partindo da raiz até a espécie.

3.4.6.2.4 Índices de diversidade filogenética baseados em caminho mínimo

Os índices de diversidade filogenética baseados em caminhos mínimos possuem a propriedade de aferir o quão distante estão as espécies presentes na comunidade. Em outras palavras, quanto menor o caminho, menor é a quantidade de espécies e, consequentemente menor será a diversidade.

Uma medida quantitativa da diversidade filogenética, do inglês *Phylogenetic Diversity of Branch Length* (PD_{NODE}), foi definida como o comprimento total mínimo de todos os ramos filogenéticos necessários para medir um *táxon* em uma árvore filogenética. Valores de PD_{NODE} maiores podem ser esperados para corresponder a uma maior diversidade (FAITH, 1992). O índice PD_{NODE} é definido na Equação 21.

$$PD_{NODE} = \sum n_i \quad (21)$$

onde n_i representa o número de i nós no caminho mínimo de cada espécie presente na diversidade.

Diversidade filogenética incluindo ramos de base, do inglês *Phylogenetic Diversity Including Root Branches* (PD_{ROOT}), indicam o número de nós dentro do máximo caminho enraizado (RODRIGUES; GASTON, 2002). A Equação 22 define esse índice,

$$PD_{ROOT} = \sum n_{iROOT}, \quad (22)$$

sendo n_{iROOT} o número de nós dentro do caminho.

E por fim, tem-se a diversidade filogenética média, do inglês *Average Phylogenetic Diversity* (AvPD), definida na Equação 23,

$$AvPD = PD_{NODE}/s, \quad (23)$$

em que s indica o total de espécies.

Os índices filogenéticos foram aplicados neste trabalho na etapa de extração de características para descrever a textura dos *superpixels* de próstata e não próstata.

3.4.7 Morfologia matemática

A morfologia matemática consiste em uma metodologia para analisar as imagens digitais, permitindo a construção de operadores úteis para a descrição de objetos em imagens (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008). Esse conceito foi elaborado inicialmente por Georges Matheron e Jean Serra na década de 60, e concentrou seus esforços no estudo da estrutura geométrica das entidades presentes em uma imagem (MATHERON; SERRA, 2002). Os operadores morfológicos podem ser utilizados em várias aplicações em processamento de

imagens, tais como as etapas de melhoramento, segmentação, compressão e detecção de bordas.

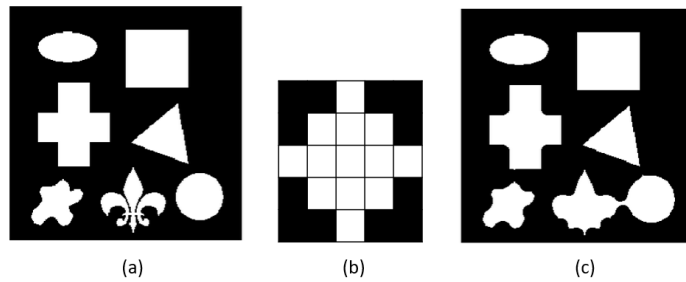
3.4.7.1 Dilatação

O processo de dilatação entre a imagem A e o elemento estruturante B , descrita na Equação 24, corresponde ao conjunto de todas as translações de B com os pontos da imagem, em que há pelo menos um *pixel* não nulo em comum com a imagem A (GONZALEZ; WOODS, 2009).

$$D(A, B) = A \oplus B = \{p \in \mathbb{Z}^2 | ((B + p) \cap A) \neq \emptyset\} \quad (24)$$

A operação morfológica dilatação foi aplicada neste trabalho na etapa de refinamento da segmentação da próstata para suavizar as bordas da próstata segmentada. A Figura 15 ilustra a aplicação da dilatação em uma imagem binária usando um elemento estruturante circular 5 x 5.

Figura 15 – Aplicação da dilatação. (a) Imagem de entrada, (b) elemento estruturante circular 5 x 5, e (c) imagem dilatada.



3.4.7.2 Preenchimento de buracos

O preenchimento de buracos, do inglês *hole filling*, pode ser realizado por meio da operação morfológica dilatação e das operações de complementação e intersecções de conjuntos (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008). Um buraco pode ser definido como uma região de fundo da imagem rodeada por uma borda completamente contornada pelo objeto da imagem (GONZALEZ; WOODS, 2009).

Assumindo que exista uma borda conectada por vizinhança-8, inicia-se o processo com um *pixel* interno à borda, denotado por p , chamado de ponto semente. A região é

então dilatada, seguida da intersecção desse resultado com o complemento da borda, dada por:

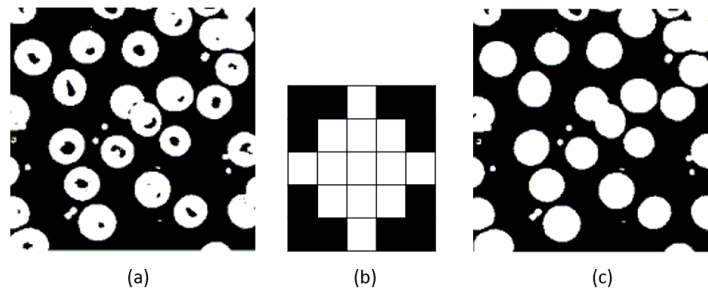
$$X_k = (X_{k-1} \oplus B) \cap A^c \quad (25)$$

em que $X_0 = p$ e k representando a iteração atual.

A intersecção previne que os pontos ultrapassem a borda. O processo é repetido até que não haja mudança entre duas iterações consecutivas, ou seja, $X_k = X_{k-1}$. A união dos conjuntos X_k e A contém a região de preenchimento e a borda da região (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008).

A operação de preenchimento de buracos foi aplicada neste trabalho na etapa de refinamento da segmentação da próstata para a recuperação de possíveis *superpixels* de próstata classificados erroneamente. A Figura 16 ilustra a aplicação do preenchimento de buracos em uma imagem binária usando um elemento estruturante circular 5 x 5.

Figura 16 – Aplicação do preenchimento de buracos. (a) Imagem de entrada, (b) elemento estruturante circular 5 x 5, e (c) imagem com o preenchimento de buracos.



3.5 Atlas probabilístico

O atlas probabilístico representa a distribuição espacial dos *voxels* pertencentes ao objeto de interesse nas marcações do especialista, onde cada elemento representa a probabilidade amostral do *voxel* pertencer ao objeto (GHOSE et al., 2012).

Para a construção do atlas, considere $F_i(x, y, z)$ o *voxel* da posição (x, y, z) do i -ésimo exame da base de treinamento que pertence ao objeto de interesse, $P(x, y, z)$ é

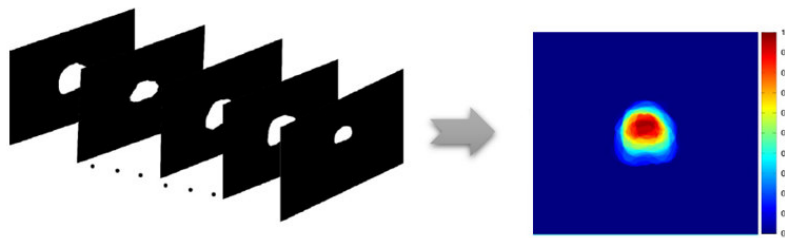
definido como a probabilidade amostral do *voxel* da posição (x, y, z) fazer parte do objeto, que é dada pela Equação 26,

$$P(x, y, z) = \frac{\sum_{i=0}^n F_i(x, y, z)}{n}, \quad (26)$$

onde n é a quantidade de exames na base de treinamento.

A Figura 17 demonstra a criação do atlas probabilístico baseado no conjunto de exames de treinamento, onde as tonalidades em vermelho indicam maior probabilidade do *voxel* pertencer à próstata enquanto as tonalidades mais próximas do azul indicam menores probabilidades.

Figura 17 – Atlas probabilístico.



O atlas probabilístico foi aplicado neste trabalho na etapa de segmentação da próstata para incorporar informação espacial e anatômica da próstata.

3.6 Algoritmo evolutivo

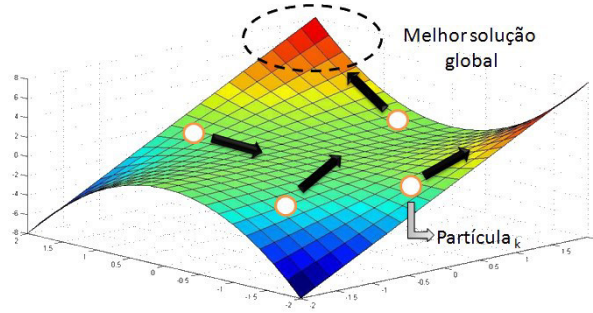
Os algoritmos evolutivos consistem em um conjunto de técnicas computacionais com base nos mecanismos evolutivos encontrados na natureza. Os algoritmos têm sido bastante utilizados por possuírem uma série de características que os tornam bem atraentes para aplicações de otimização. A ideia básica dos algoritmos evolutivos é manter uma população de indivíduos, representando possíveis soluções para problemas concretos, que evolui ao longo de gerações através de um processo de competição, onde os mais aptos (melhor *fitness*) têm maiores chances de sobreviver (GABRIEL; DELBEM, 2008).

3.6.1 Otimização por enxame de partículas

O algoritmo de otimização por enxame de partículas, do inglês *Particle Swarm Optimization* (PSO), é uma técnica evolutiva proposta por Eberhart e Kennedy em 1995, inspirada no comportamento de enxames, como bando de pássaros e peixes (EBERHART; KENNEDY et al., 1995). O algoritmo PSO é inicializado com um conjunto de possíveis soluções do problema, denominada enxame.

As possíveis soluções no algoritmo PSO são denominadas partículas. Cada partícula no enxame voa no espaço multidimensional em busca da melhor solução baseada na sua experiência própria, experiências de partículas próximas e na melhor posição global entre as partículas no enxame (DURAISAMY; KAYALVIZHI et al., 2010). A Figura 18 apresenta o processo de busca do enxame pela melhor solução global.

Figura 18 – Processo de busca do algoritmo PSO.



A cada iteração do algoritmo, as partículas do enxame atualizam suas posições x no espaço com uma certa velocidade v em busca da solução ótima. As Equações 27 e 28 descrevem o processo de atualização das partículas,

$$v_i = w.v_i + (C_1.r_1.(Pbest - x_i)) + (C_2.r_2.(Gbest - x_i)), \quad (27)$$

$$x_i = x_i + v_i, \quad (28)$$

onde w é a constante de inércia que controla o impacto do histórico das velocidades anteriores na velocidade atual, C_1 é o parâmetro cognitivo que atrai cada partícula para sua melhor posição local, C_2 é o parâmetro social que atrai cada partícula para a melhor posição global do enxame, $Pbest$ é a melhor posição da partícula i , $Gbest$ é a melhor posição do enxame, e r_1 e r_2 são números aleatórios entre 0 e 1.

O algoritmo PSO foi aplicado neste trabalho em várias etapas, tais como na otimização da etapa de melhoramento e nas etapas de classificação dos *superpixels* para a otimização dos hiperparâmetros das redes neurais convolucionais (CNN) e do algoritmo *extreme gradient boosting* (XGBoost).

3.7 Redes neurais artificiais

As redes neurais artificiais (RNA) são modelos matemáticos inspirados no sistema nervoso central humano. Tais redes podem ser definidas como um conjunto de unidades de processamento, denominadas neurônios artificiais, que são interligadas por uma grande quantidade de interconexões, denominadas sinapses artificiais (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). As RNAs são utilizadas em várias aplicações de reconhecimento de padrões, tais como reconhecimento de voz, detecção de objetos, identificação de nódulos cancerígenos, entre outras (ALANIS; ARANA-DANIEL; LOPEZ-FRANCO, 2019; BARONI, 2020).

A primeira publicação relacionada às RNA data de 1943, por meio do trabalho elaborado por McCulloch e Pitts, resultando na primeira concepção de neurônio artificial (MCCULLOCH; PITTS, 1943). O neurônio é a unidade básica das RNAs, fundamental para a construção de modelos mais complexos, que implementa uma função matemática que dada uma entrada gera uma saída (HAYKIN, 2000).

Em termos matemáticos, pode-se descrever um neurônio artificial pela Equação 29,

$$y = g\left(\sum_{i=1}^n x_i w_i + b\right) \quad (29)$$

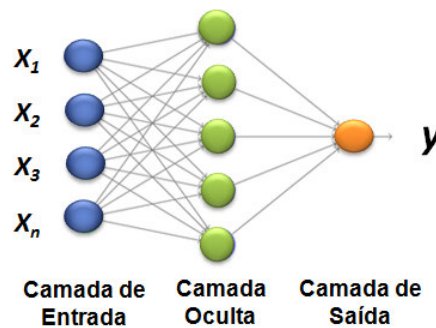
em que $x_1, x_2, \dots, x_n$ representam os sinais de entrada advindos da aplicação; $w_1, w_2, \dots, w_n$ são os pesos sinápticos, b é o termo bias e g é a função de ativação. As ativações comuns são função identidade, sigmóide e tangente hiperbólica.

Recentemente, um tipo simples de função não-linear foi proposto por Krizhevsky, Sutskever e Hinton (2012), denominada *Rectified Linear Units* (ReLU). Experimentos realizados identificaram um processo de convergência seis vezes mais rápido comparado à função tangente hiperbólica. A função ReLU está descrita na Equação 30.

$$g(x) = \max(0, x) \quad (30)$$

Embora existam inúmeras arquiteturas de RNA, a arquitetura do tipo *Perceptron* de múltiplas camadas, do inglês *Multilayer Perceptron* (MLP) é, sem dúvida, a mais constantemente encontrada na literatura (PHAM et al., 2019). As MLPs são caracterizadas pela presença de pelo menos uma camada oculta de neurônios, localizada entre as camadas de entrada e saída (SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). Os neurônios na camada oculta capacitam a rede a aprender tarefas complexas extraindo progressivamente as características mais significativas dos padrões de entrada (HAYKIN, 2000). A Figura 19 ilustra uma arquitetura básica de MLP com apenas uma camada oculta.

Figura 19 – *Perceptron* de múltiplas camadas.



O início da grande popularidade e das extensas aplicabilidades das MLPs se deram a partir da publicação do livro *Parallel Distributed Processing* (RUMELHART et al., 1988). No qual foi introduzido o algoritmo de aprendizagem denominado *backpropagation*, permitindo a sua implementação no processo de treinamento dessas redes.

Durante o treinamento, o algoritmo *backpropagation* utiliza pares de entradas e saídas desejadas e, por meio de um mecanismo para correção dos erros, ajusta os pesos sinápticos da rede. Para a minimização do erro obtido pela rede e o ajuste dos pesos, o algoritmo utiliza a regra delta generalizada, com aplicação do gradiente (WHITTINGTON; BOGACZ, 2019).

O algoritmo *backpropagation* é descrito por dois passos distintos. Primeiro, um padrão é apresentado à camada de entrada da rede. A atividade resultante flui através da rede, camada por camada, até que a resposta seja produzida pela camada de saída. No segundo passo, a saída obtida é comparada à saída desejada para esse padrão particular. Se esta não estiver correta, o erro é calculado. O erro é propagado a partir da camada de saída até a camada de entrada, e os pesos das conexões das camadas ocultas vão sendo modificados conforme o erro é retropropagado.

Os passos abaixo apresentam o algoritmo de aprendizagem *backpropagation*:

1. Inicializar os pesos sinápticos dos neurônios de processamento com pequenos valores aleatórios.
2. Apresentar as entradas da rede em um vetor $x_1, x_2, \dots, x_N$ de características e especificar um vetor $d_1, d_2, \dots, d_N$ de saídas desejadas.
3. Calcular as saídas reais da rede $y_1, y_2, \dots, y_N$, baseadas na Equação 29.
4. Reajustar os pesos usando um algoritmo recursivo começando pelos neurônios da camada de saída, em direção aos neurônios da camada de entrada. Os pesos são ajustados através da Equação 31:

$$w_{ij}(t+1) = w_{ij}(t) + \eta \delta_j x_i \quad (31)$$

onde w_{ij} é o peso do neurônio oculto j em um dado tempo t , x_i pode ser tanto um neurônio de saída quanto um de entrada, η é a taxa de aprendizagem e δ_j é um termo de erro para o neurônio j . Se j for um neurônio de saída, então δ_j é definido pela Equação 32:

$$\delta_j = y_j(1 - y_j)(d_j - y_j) \quad (32)$$

onde d_j denota a saída desejada e y_j é a saída real da rede. Se o neurônio j for um neurônio oculto, então δ_j é definido pela Equação 33:

$$\delta_j = x_j(1 - x_j) \sum_k \delta_k w_{jk} \quad (33)$$

onde k denota todos os neurônios acima do neurônio j .

5. Repetir o passo 2 até que uma dada condição seja satisfeita.

A taxa de aprendizagem η influencia a magnitude das mudanças dos pesos, desempenhando papel fundamental no aprendizado. Uma taxa de aprendizado pequena implica em pequenas variações, tornando o treinamento lento e aumentando as chances de paradas em mínimo locais; altas taxas de aprendizado, no entanto, podem levar a MLP à saturação ou mesmo à oscilação, comprometendo todo o processo de aprendizado (HAYKIN, 2000; SILVA, 2004; SILVA; SPATTI; FLAUZINO, 2010). Depois que a rede estiver treinada e o erro estiver em um nível satisfatório, a rede poderá ser utilizada como uma ferramenta para classificação de novos dados.

3.8 Aprendizagem profunda

Durante o processo de aprendizagem, os humanos e os animais são primeiramente levados a interpretar e entender conceitos mais simples, para mais tarde, no decorrer da sua vida, serem capazes de aprender conceitos mais complexos baseados nos conceitos previamente observados (FERNANDES, 2013). Esse processo de aprendizagem, chamado de aprendizagem profunda, sugere uma divisão em camadas hierárquicas no cérebro com diferentes responsabilidades (HUBEL; WIESEL, 1998).

As técnicas de aprendizagem profunda apresentam múltiplas camadas de processamento não-linear para reconhecimento de padrões de forma semelhante ao cérebro (LECUN; BENGIO; HINTON, 2015). Tais técnicas permitem a extração automática de características a partir do conjunto de treinamento, sem a necessidade de uma série de técnicas de processamento de imagens e reconhecimento de padrões (HUA et al., 2015). Com isso, as etapas de extração, seleção e classificação de características são abstraídas no próprio modelo, com pouca intervenção humana (CHENG et al., 2016).

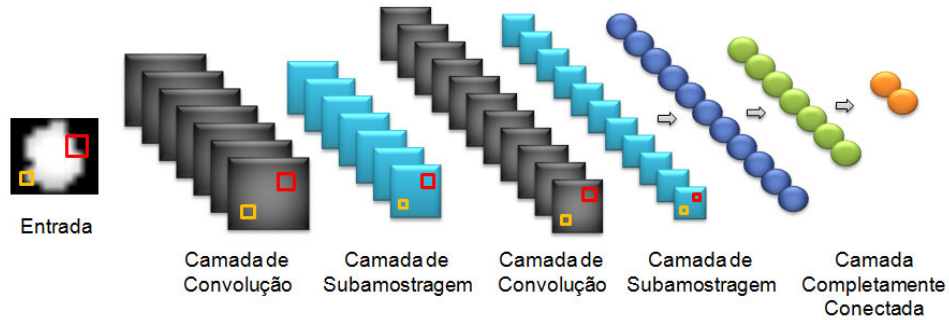
Atualmente, existem várias técnicas de aprendizagem profunda tais como as redes neurais convolucionais, as redes neurais recorrentes, as redes de crença profunda, as redes de memória de longo prazo, os auto-codificadores esparsos empilhados, entre outras. Segundo Hafemann (2014), nas aplicações para classificação de imagens, os melhores resultados publicados foram obtidos utilizando as redes neurais convolucionais e suas variantes.

3.8.1 Redes neurais convolucionais profundas

As redes neurais convolucionais, do inglês *Convolutional Neural Networks* (CNN), são técnicas biologicamente inspiradas que podem aprender características de forma hierárquica (LECUN et al., 1998; ZHOU, 2020). A CNN geralmente utiliza em sua arquitetura três tipos de camadas: convolução, subamostragem e completamente conectada (KANG; WANG, 2014).

As camadas que realizam a convolução e a subamostragem, englobando o processo implícito de extração de características, localizam-se na base da rede. E, no topo da CNN encontra-se a camada completamente conectada que é responsável pela classificação dos padrões de entrada, ilustrada na Figura 20.

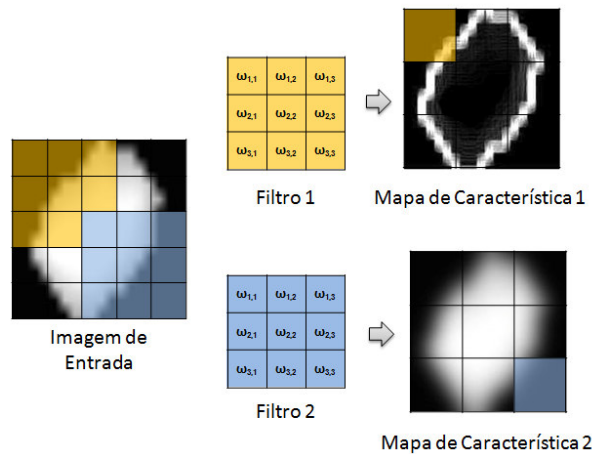
Figura 20 – Redes neurais convolucionais.



As características são extraídas de uma camada para outra da rede, onde um neurônio na camada K conecta-se a um campo receptivo local na camada anterior $K - 1$. Dessa forma, as características são combinadas sequencialmente para, por conseguinte, serem extraídas características de mais alto nível (FERNANDES, 2013).

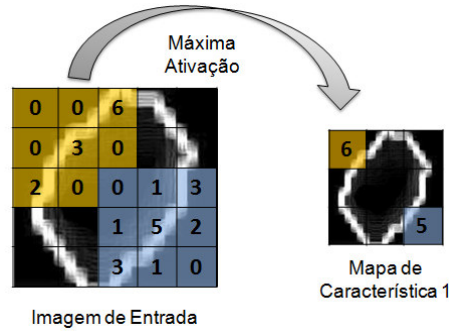
As camadas de convolução, como mostrado na Figura 21, possuem filtros treináveis que são aplicados individualmente em toda a imagem de entrada, gerando assim, vários mapas de características (LECUN et al., 2010). Após o treinamento da rede, cada filtro é responsável por detectar uma característica em particular que ocorre em qualquer parte da imagem (HAFEMANN, 2014). Uma vez que a característica é detectada, sua localização exata na imagem de entrada torna-se irrelevante (LECUN et al., 1998; ZHOU, 2020).

Figura 21 – Camada de convolução.



As camadas de subamostragem reduzem a resolução espacial dos mapas de características e selecionam características invariantes à deslocamentos e distorções (LECUN et al., 2010). A Figura 22 apresenta o processo da camada de subamostragem do tipo máxima ativação, em que apenas o *pixel* de maior intensidade do campo receptivo anterior é mantido.

Figura 22 – Camada de subamostragem.



Após as camadas de convolução e subamostragem responsáveis pela extração de características, os *pixels* de todos os mapas de características da camada anterior são apresentados à camada completamente conectada, responsável pela classificação dos padrões de entrada, como ilustrada na Figura 19 (FERNANDES, 2013).

A CNN foi aplicada neste trabalho na etapa de segmentação da próstata para classificar os *superpixels* da imagem de RM original e do atlas probabilístico, apresentados à rede de forma simultânea, em tecido de próstata e não-próstata.

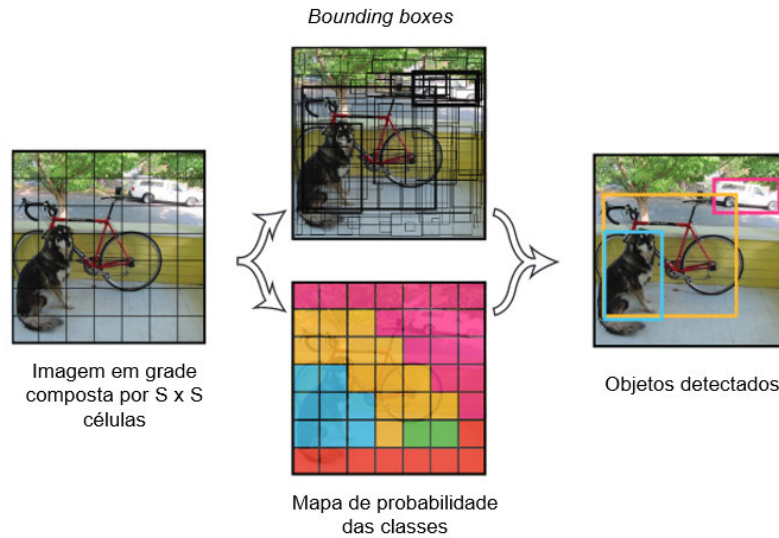
3.8.2 YOLO

A YOLO, do inglês *You Only Look Once*, é uma arquitetura de rede neural completamente convolucional elaborada especialmente para a detecção de objetos. Essa tarefa consiste em determinar as localizações de cada objeto presente na imagem, como mostrado na Figura 23. Proposta por Redmon et al. (2016), a YOLO trata a detecção de objetos como um problema de regressão, cujo resultado é a delimitação de *bounding boxes* baseada na probabilidade de determinado objeto pertencer a uma classe em específico.

A YOLO utiliza informações de toda a imagem para prever as *bounding boxes*. A ideia consiste em dividir a imagem em grade composta por $S \times S$ células. Cada célula realiza predição de *bounding boxes* e fornece uma taxa de confiança para a predição. Além disso, as *bounding boxes* apresentam cinco valores: x, y, w, h correspondendo, respectivamente, às coordenadas x e y da origem, largura e comprimento do objeto. O quinto valor é o coeficiente de interseção sobre a união, do inglês *Intersection over Union* (IoU), calculado entre a predição da YOLO e a localização real do objeto.

A probabilidade condicional de cada classe é dada por $P(\text{Classe}_i | \text{Objeto})$. Um conjunto de probabilidades condicionais são calculadas por célula, a despeito da quantidade

Figura 23 – Divisão da imagem em grade para a predição das *bounding boxes* (REDMON et al., 2016).



de *bounding boxes*. Por fim, a taxa de confiança para uma classe específica é calculada pela multiplicação entre as probabilidades condicionais da classe e de cada *bounding box*, como descrita pela Equação 34. Essa taxa indica a probabilidade de uma classe ocorrer em uma região da imagem, bem como o quão precisa é a *bounding box* gerada (REDMON et al., 2016).

$$P(Classe_i|Objeto) * P(Objeto) * IoU = P(Classe_i) * IoU \quad (34)$$

Um conceito característico da YOLO é o de âncoras, os quais estão diretamente ligados à predição. Âncoras são *bounding boxes* previamente definidas para cada célula, e que são, durante o treinamento, ajustadas para obter a melhor concordância com a localização real do objeto. Portanto, a saída da rede deve conter quatro valores para cada *bounding box*: t_x , t_y , t_w , t_h . Uma vez que a célula é uma região transladada da origem da imagem por $(c_x$ e c_y) e que as âncoras possuem dimensões p_w e p_h , as predições correspondem a:

$$b_x = \sigma(t_x) + c_x$$

$$b_y = \sigma(t_y) + c_y$$

$$b_w = p_w e^{t_w}$$

$$b_h = p_h e^{t_h}$$

onde b_x , b_y , b_w , b_h são as coordenadas x e y do centro, largura e comprimento da *bounding box* predita, h e w correspondem a altura e largura da imagem. A variável σ corresponde à função sigmoide, forçando a normalização da saída entre 0 e 1.

A YOLO foi aplicada neste trabalho na etapa de detecção da próstata para diminuir a região de interesse, reduzindo o desequilíbrio da quantidade de *superpixels* das classes de próstata e não próstata.

3.9 *Extreme gradient boosting*

O algoritmo *eXtreme Gradient Boosting* (XGBoost) proposto por Chen e Guestrin (2016) é baseado no algoritmo de árvores de decisão com aumento de gradiente, do inglês *gradient boosting decision tree*. O algoritmo *boosting* é uma técnica de *ensemble* onde novos modelos são adicionados sequencialmente para corrigir os erros obtidos pelos modelos anteriores, até que não haja melhora no resultado. O *boosting* é constituído essencialmente de três etapas:

- A partir de um modelo inicial F_0 , uma entrada de dados X e a classe y , o erro residual desse modelo é dado por:

$$E_0 = y - F_0(X) \quad (35)$$

onde $F_0(X)$ é a saída do modelo inicial.

- Um novo modelo h_1 é treinado então apresentando como rótulo o erro residual do modelo anterior (no caso E_0).
- Assim, F_0 e h_1 são combinados para gerar F_1 :

$$F_1(X) = F_0(X) + h_1(X) \quad (36)$$

em que o novo erro será dado por:

$$E_1 = y - F_1(X) \quad (37)$$

Esse processo pode ser repetido para a inserção de vários modelos.

Já a técnica de aumento de gradiente, do inglês *gradient boosting*, utiliza um algoritmo de gradiente descendente para minimizar a função de perda ao adicionar novos

modelos (FRIEDMAN, 2001; LU et al., 2020). No caso do algoritmo XGBoost, os modelos utilizados pelo algoritmo são árvores de decisão, porém, a implementação do algoritmo foi feita para ter a maior eficiência possível no uso de recursos de memória e processamento.

A função objetivo do XGBoost é dada por:

$$\ell^{(t)} = \sum_{i=1}^n [l(y_i, \hat{y}_i^{(t-1)}) + g_i f_t(x_i) + \frac{1}{2} h_i f_t^2(x_i)] + \Omega(f_t) \quad (38)$$

onde $\ell^{(t)}$ é a função de objetivo na iteração t , $\hat{y}_i^{(t-1)}$ é a predição da i -ésima instância na iteração $t - 1$, y_i é a classe, $\Omega(f_t)$ é o termo de regularização do modelo, $f_t(x_i)$ é a saída da árvore na iteração t , e g_i e h_i são os gradientes de primeira e segunda ordem da função de perda (FRIEDMAN, 2001; LU et al., 2020).

O algoritmo XGBoost foi utilizado neste trabalho na etapa de classificação dos *superpixels* usando os índices filogenéticos para distinguir os *superpixels* de próstata e não próstata.

3.10 Métricas de desempenho

As métricas utilizadas nesta tese são comumente usadas para avaliar o desempenho de sistemas baseados em processamento de imagem (TAHA; HANBURY, 2015; JIA et al., 2018; PAN et al., 2019). As métricas de avaliação de desempenho são o coeficiente de interseção sobre a união, coeficiente de similaridade Dice, volume relativo da diferença, similaridade volumétrica, distância média da superfície, distância de Hausdorff, sensibilidade, especificidade e acurácia (TAHA; HANBURY, 2015).

O coeficiente de interseção sobre a união, do inglês *Intersection over Union* (IoU), também conhecido por índice de similaridade de Jaccard, é calculado pela razão entre a interseção dos conjuntos X e Y e a união desses. Pode ser descrito pela Equação 39.

$$IoU = \frac{|X \cap Y|}{|X \cup Y|} \quad (39)$$

sendo, X o volume obtido pelo método proposto e Y o volume de referência da marcação do especialista. Essa métrica foi utilizada na avaliação da etapa de detecção da próstata.

O coeficiente de similaridade Dice, do inglês *Dice Similarity Coefficient* (DSC), também conhecido por índice de sobreposição, é a métrica mais utilizada na validação da segmentação de imagens médicas. Pode ser descrito pela Equação 40.

$$DSC = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|} \quad (40)$$

sendo X o volume obtido pelo método proposto e Y o volume de referência da marcação do especialista. Essa métrica foi utilizada na avaliação das etapas de melhoramento, segmentação e refinamento da segmentação da próstata.

O volume relativo da diferença, do inglês *Relative Volume Difference* (RVD), representa a similaridade entre dois volumes. Valores negativos indicam que o volume segmentado pelo método é menor que o volume de referência, valor zero indica que os volumes são iguais e valores positivos indicam que o volume segmentado pelo método é maior que o volume de referência. Pode ser descrito pela Equação 41.

$$RVD = \left(\frac{X}{Y} - 1 \right) * 100 \quad (41)$$

sendo X o volume obtido pelo método proposto e Y o volume de referência da marcação do especialista. Essa métrica foi utilizada na avaliação das etapas de segmentação e refinamento da segmentação da próstata.

A similaridade volumétrica, do inglês *Volumetric Similarity* (VS), representa a diferença de volume absoluta dividida pela soma dos volumes comparados. Valor um indica que o número de elementos de X é igual ao número de elementos de Y e valor zero indica que um deles está vazio. Pode ser descrita na Equação 42.

$$VS = 1 - \frac{||X| - |Y||}{|X| + |Y|} \quad (42)$$

sendo X o volume obtido pelo método proposto e Y o volume de referência da marcação do especialista. Essa métrica foi utilizada na avaliação das etapas de segmentação e refinamento da segmentação da próstata.

A distância média da superfície, do inglês *Average Surface Distance* (ASD), representa a distância entre o vértice y_i do contorno de Y e o vértice mais próximo do contorno de X , sendo $i = 1, \dots, N$. Pode ser descrita na Equação 43.

$$ASD = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N d(y_i, X) \quad (43)$$

sendo X o volume obtido pelo método proposto, Y o volume de referência da marcação do especialista e d a distância Euclidiana. Essa métrica foi utilizada na avaliação das etapas de segmentação e refinamento da segmentação da próstata.

A distância de Hausdorff, do inglês *Hausdorff Distance* (HD), representa a maior distância obtida no cálculo da distância média da superfície, ou seja, o grau de incompatibilidade entre os volumes. Pode ser descrita na Equação 44.

$$HD = \max\{d(y_i, X)\} \quad (44)$$

sendo X o volume obtido pelo método proposto, Y o volume de referência da marcação do especialista e d a distância Euclidiana. Essa métrica foi utilizada na avaliação das etapas de segmentação e refinamento da segmentação da próstata.

A sensibilidade, do inglês *Sensitivity* (SEN), representa a probabilidade de *superpixels* de próstata corretamente classificados sobre o total de *superpixels* referentes a região da próstata, como descrita na Equação 45.

$$SEN = \frac{VP}{VP + FN} \quad (45)$$

sendo VP a taxa de verdadeiro positivos e FN a taxa de falso negativos. Essa métrica foi utilizada na avaliação da etapa de classificação de *superpixels*.

A especificidade, do inglês *Specificity* (SPE), representa a probabilidade de *superpixels* de não-próstata corretamente classificados sobre o total de *superpixels* referentes a região da não-próstata, como descrita na Equação 46.

$$SPE = \frac{VN}{VN + FP} \quad (46)$$

sendo VN a taxa de verdadeiro negativos e FP a taxa de falso positivos. Essa métrica foi utilizada na avaliação da etapa de classificação de *superpixels*.

A acurácia, do inglês *Accuracy* (ACC), representa a probabilidade de *superpixels* classificados corretamente sobre o total de *superpixels* existentes, como descrita na Equação 47.

$$ACC = \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN} \quad (47)$$

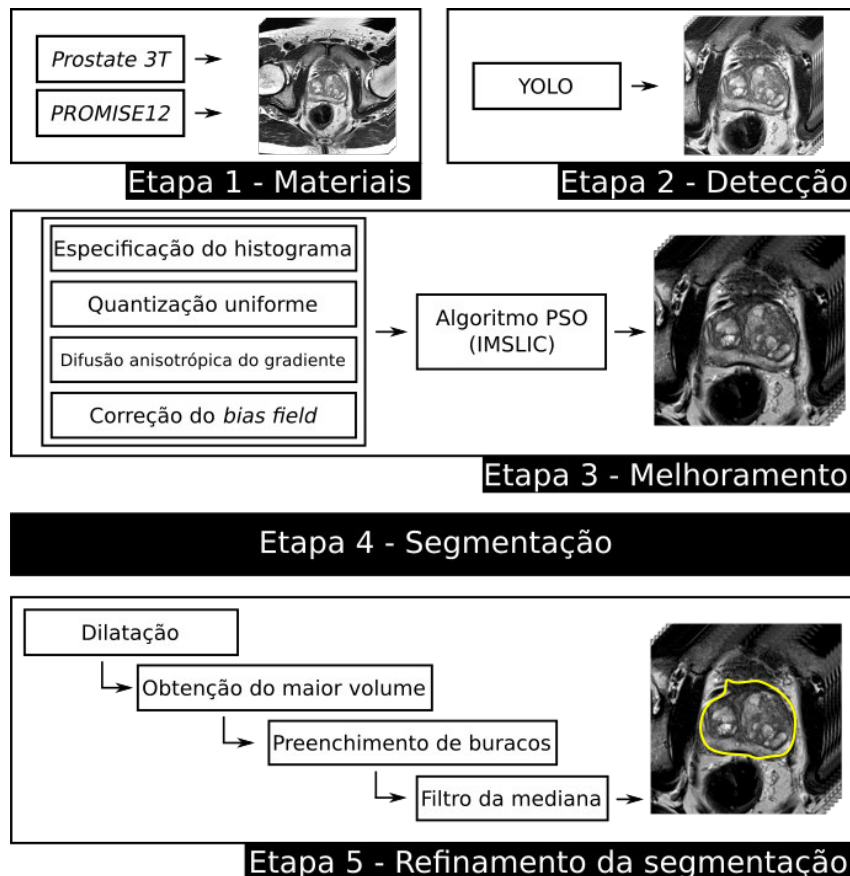
sendo VP a taxa de verdadeiro positivos, VN a taxa de verdadeiro negativos, FP a taxa de falso positivos e FN a taxa de falso negativos. Essa métrica foi utilizada na avaliação da etapa de classificação de *superpixels*.

Tais métricas têm o objetivo de medir o desempenho dos métodos propostos como satisfatórios ou não, além de auxiliar na identificação de pontos positivos e negativos para os trabalhos futuros nas fases de treinamento, validação e teste.

4 Métodos de segmentação automática da próstata baseados em *superpixels*

Este capítulo apresenta as etapas usadas nos três métodos propostos baseados em *superpixels* para a segmentação automática da próstata em imagens de RM 3D. Todos os métodos estão divididos nas seguintes etapas: 1) materiais, 2) detecção da próstata, 3) melhoramento, 4) segmentação da próstata, 5) refinamento da segmentação, e por fim, 6) avaliação dos resultados. Para uma comparação mais confiável entre os três métodos propostos, utilizou-se as mesmas etapas em todos os métodos, alterando apenas as técnicas usadas na etapa de segmentação. A Figura 24 apresenta as etapas comuns aos três métodos propostos.

Figura 24 – Fluxograma das etapas comuns nos métodos propostos.



4.1 Materiais

As imagens dos exames de ressonância magnética utilizadas nos métodos propostos foram obtidas através de duas bases de imagens públicas disponíveis na internet, a *Prostate 3T* (LITJENS; FUTTERER; HUISMAN, 2015) e a *PROMISE12* (LITJENS et al., 2014).

4.1.1 *Prostate 3T*

A base de imagens *Prostate 3T* foi obtida através do desafio de segmentação automática de estruturas da próstata do *National Cancer Imaging Archive* (NCIA). A base contém 30 exames de RM ponderados em T2, juntamente com a marcação da próstata feita pelo especialista. Todas as imagens estão no formato DICOM e têm 320 x 320 de dimensão com 16 *bits* por *voxel*, e espaçamento do *voxel* de 0,6 x 0,6 x 4,0 mm³. O número de fatias varia de 15 a 24. A base de imagens foi adquirida em um scanner Siemens 3.0T usando uma bobina de matriz em fases, do inglês *Phased Array Coil* (PAC), na região pélvica (LITJENS; FUTTERER; HUISMAN, 2015).

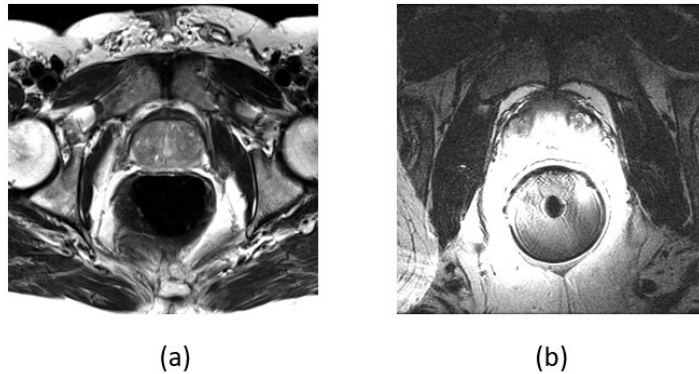
4.1.2 *PROMISE12*

A base de imagens *PROMISE12* foi obtida através do desafio de segmentação da próstata em imagem de RM do MICCAI no ano de 2012. A base contém 50 exames de RM ponderados em T2, juntamente com a marcação da próstata feita pelo especialista. Diferentemente da base *Prostate 3T*, a base *PROMISE12* é muito desafiadora devido à grande variação nos exames de RM, as dimensões variam de 256 x 256, 320 x 320, 384 x 384 e 512 x 512 com 16 *bits* por *voxel*, o número de fatias varia de 15 a 29, e apresenta uma grande diversidade no tamanho e na aparência da próstata (YU et al., 2017). As imagens estão no formato RAW e foram adquiridas em diferentes hospitais, utilizando diferentes equipamentos e diferentes protocolos de aquisição, como os scanners Siemens 1.5T e 3.0T que utiliza uma bobina PAC na região pélvica ou uma bobina endorretal, do inglês *Endorectal Coil* (ERC) (LITJENS et al., 2014).

Foram utilizadas nos métodos apenas as imagens adquiridas utilizando a bobina PAC, reduzindo a base para 26 exames. A principal razão para a exclusão dos exames adquiridos usando a bobina ERC, se deve a existência de uma deformação da zona periférica

da próstata devido ao efeito de massa do gel usado na aquisição da imagem, criando um sinal T2 regional, que pode obscurecer a detecção do câncer, entre outras razões do ponto de vista clínico (YE et al., 2016; VISSCHERE, 2018). A Figura 25 ilustra exemplos de imagens de RM usando bobina PAC e bobina ERC.

Figura 25 – Exemplos de exames RM usando diferentes bobinas. (a) Bobina PAC e (b) bobina ERC.



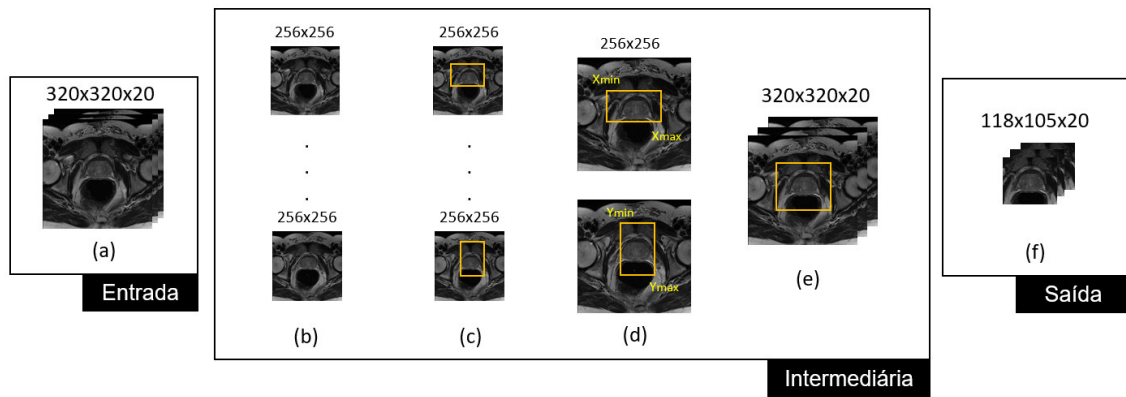
4.2 Detecção da próstata

Partindo das imagens de RM, como mostrado na Figura 25 (a), a etapa de detecção da próstata é aplicada usando a rede neural convolucional YOLO, descrita na Seção 3.8.2. Essa etapa é importante, uma vez que limita o escopo da imagem de RM 3D à região da próstata, eliminando, dessa forma, demais detalhes da imagem que são indesejados, tais como os demais órgãos presentes no exame. A YOLO apresenta vários benefícios sobre as técnicas tradicionais de detecção de objetos: 1) a YOLO é extremamente rápida na detecção, 2) usa informações de toda a imagem para prever cada *bounding box*, e por fim, 3) possui um alto poder de generalização.

Na criação do modelo de detecção, as regiões da próstata são delimitadas por *bounding boxes* que compreendem as marcações feitas pelos especialistas. Cada *bounding box* é representada por quatro valores: x, y, w, h correspondendo, respectivamente, às coordenadas x e y da origem, largura e comprimento da região da próstata. Além disso, todas as imagens de RM foram redimensionadas para a dimensão 256 x 256 preservando o número de fatias. A arquitetura da YOLO utilizada neste trabalho, conhecida como YOLOv3, está descrita no trabalho proposto por Redmon e Farhadi (2018).

Por conta da grande variação na anatomia da próstata devido as alterações patológicas entre pacientes, as imagens de RM possuem números de fatias diferentes (eixo z). Logo, a detecção da próstata é aplicada fatia por fatia a partir da visualização axial. A etapa de detecção baseada na YOLO é dividida em várias subetapas: 1) redimensionamento das fatias para 256×256 , 2) predição das *bounding boxes* usando a YOLO com pesos pré-treinados, 3) determinar as coordenadas x_{min} , y_{min} , x_{max} e y_{max} entre todas as *bounding boxes* previstas pelo modelo, e por fim, 4) reconstrução da *bounding box* 3D na imagem de RM usando as coordenadas encontradas na sub-etapa anterior, preservando o eixo z . A Figura 26 ilustra esse processo.

Figura 26 – Etapa de detecção da próstata. (a) Imagem original, (b) redimensionamento das fatias, (c) predição das *bounding boxes*, (d) coordenadas x_{min} , y_{min} , x_{max} e y_{max} entre todas as *bounding boxes*, (e) reconstrução da *bounding box* 3D, e (f) região da próstata detectada pela YOLO.



4.3 Melhoramento das imagens

A etapa de melhoramento compreende a aplicação de técnicas para o melhoramento das imagens, aumentando as chances de sucesso nas etapas seguintes. No entanto, a literatura apresenta diversas técnicas para o melhoramento das imagens de RM da próstata (STOJANOV; KOCESKI, 2014; YANG et al., 2017; JIA et al., 2018). Entre as técnicas geralmente aplicadas destacam-se: especificação do histograma, quantização uniforme, difusão anisotrópica do gradiente e correção de *bias field*.

A escolha de quais técnicas de melhoramento aplicar nas imagens é totalmente empírica e baseada no protocolo de aquisição utilizado na base de imagens de RM. Portanto, neste trabalho, utilizou-se um algoritmo evolutivo, otimização por enxame de partículas

(PSO), em conjunto com uma técnica de *superpixels*, agrupamento iterativo linear simples de superfície intrínseca (IMSLIC), para a otimização da etapa de melhoramento na escolha e ordem das técnicas aplicadas, tornando o processo automatizado.

O algoritmo PSO, descrito na Seção 3.6.1, é uma técnica evolutiva inspirada no comportamento de enxame de populações biológicas. O PSO pode gerar uma solução de alta qualidade dentro de um tempo de cálculo mais curto e exibindo uma característica de convergência estável mais eficaz do que outras técnicas de otimização. Além disso, há menos parâmetros de controle para ajustar e é mais eficiente em manter a diversidade do enxame, pois todas as partículas usam as informações relacionadas à partícula de maior sucesso (partícula *Gbest*) para melhorar a si mesmo (SILVA et al., 2018).

Na otimização da etapa de melhoramento as partículas do algoritmo PSO são constituídas por cinco coordenadas. As primeiras quatro coordenadas representam a aplicação de cada uma das quatro técnicas de melhoramento de imagens utilizadas na tese e possuem valores binários (0 ou 1), correspondendo a aplicação ou não da técnica. Por outro lado, a última coordenada determina a ordem de aplicação com valores inteiros entre 1 e 24, significando todas as possíveis permutações da ordem de aplicação. A Tabela 3 apresenta a codificação das partículas.

Tabela 3 – Definição das partículas da etapa de melhoramento no método proposto.

Coordenadas da partícula	Técnicas de melhoramento
x_1	Especificação do histograma
x_2	Quantização uniforme
x_3	Difusão anisotrópica do gradiente
x_4	Correção de <i>bias field</i>
x_5	Ordem da aplicação

Após a inicialização aleatória das partículas no enxame inicial, cada partícula é avaliada individualmente baseada no algoritmo de *superpixels* IMSLIC, descrito na Seção 3.4.5.2. Nas coordenadas que representam as técnicas de melhoramento de imagens, o valor 1 significa aplicação da técnica e o valor 0 significa não aplicação. O valor da última coordenada da partícula representa o código da ordem de aplicação das técnicas de melhoramento selecionadas. A Tabela 4 apresenta todos os códigos que representam as ordens de aplicação.

Depois da aplicação das técnicas na ordem selecionada pela partícula, o algoritmo IMSLIC é aplicado nas imagens de RM pré-processadas fatia por fatia para o agrupamento dos *pixels* em *superpixels*. Em seguida, os *superpixels* das imagens pré-processadas que

Tabela 4 – Códigos da ordem de aplicação das técnicas de melhoramento selecionadas no algoritmo PSO. Especificação do histograma (HM), quantização uniforme em 8 bits (UQ), difusão anisotrópica do gradiente (GAD) e correção de *bias field* (BFC).

Código	Ordem de aplicação das técnicas	Código	Ordem de aplicação das técnicas
1	HM, UQ, GAD e BFC	13	GAD, HM, UQ e BFC
2	HM, UQ, BFC e GAD	14	GAD, HM, BFC e UQ
3	HM, GAD, UQ e BFC	15	GAD, UQ, HM e BFC
4	HM, GAD, BFC e UQ	16	GAD, UQ, BFC e HM
5	HM, BFC, UQ e GAD	17	GAD, BFC, HM e UQ
6	HM, BFC, GAD e UQ	18	GAD, BFC, UQ e HM
7	UQ, HM, GAD e BFC	19	BFC, HM, UQ e GAD
8	UQ, HM, BFC e GAD	20	BFC, HM, GAD e UQ
9	UQ, GAD, HM e BFC	21	BFC, UQ, HM e GAD
10	UQ, GAD, BFC e HM	22	BFC, UQ, GAD e HM
11	UQ, BFC, HM e GAD	23	BFC, GAD, HM e UQ
12	UQ, BFC, GAD e HM	24	BFC, GAD, UQ e HM

interceptam a marcação do especialista são usados para criar um volume baseado na interseção. Por fim, o *fitness* é calculado usando o coeficiente de similaridade Dice (DSC) da marcação do especialista e o volume de interseção. O critério de parada foi definido usando um número máximo de iterações. A Figura 27 apresenta o fluxograma desse processo.

Figura 27 – Fluxograma da etapa de melhoramento baseado no algoritmo PSO.



4.4 Segmentação da próstata

Os três métodos de segmentação da próstata propostos nesta tese combinam a análise de textura local e informações espaciais, usando uma técnica de *superpixels* sensíveis ao conteúdo (Seção 3.4.5.2) e atlas probabilístico (Seção 3.5). Em cada um dos métodos, a etapa de segmentação está dividida em três subetapas: 1) construção do atlas probabilístico, 2) agrupamento em *superpixels*, e por fim, 3) classificação dos *superpixels*.

4.4.1 Construção do atlas probabilístico

O atlas probabilístico é utilizado nos métodos propostos para incorporar informações espaciais da próstata. Assim, na construção do atlas probabilístico, as imagens devem estar alinhadas apresentando as mesmas dimensões (LI et al., 2013). No entanto, conforme descrito na Seção 4.1, as bases de imagens apresentam variação em alguma dimensão. Para superar esse problema, um algoritmo foi proposto para criar um atlas probabilístico de qualquer dimensão a partir de um atlas inicial, descrito na Figura 28. O algoritmo é detalhado da seguinte forma:

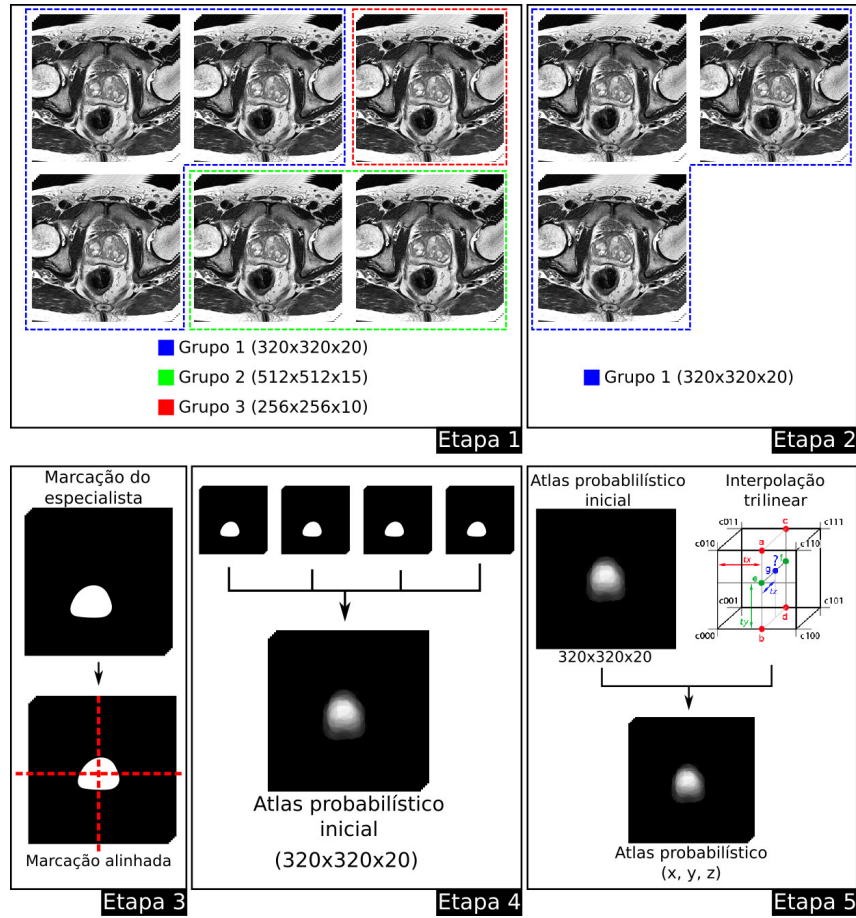
1. Agrupar as imagens do conjunto de treinamento com base nas dimensões, ou seja, nos eixos x , y e z (Figura 28 - Etapa 1).
2. Selecionar o grupo que possui a maior quantidade de imagens de RM (Figura 28 - Etapa 2). O objetivo deste passo é garantir uma maior diversidade na variação da anatomia da próstata.
3. Alinhar ao centro da imagem todas as marcações dos especialistas correspondentes às imagens selecionadas no passo 2 (Figura 28 - Etapa 3). A ideia é criar um atlas probabilístico na forma de uma distribuição gaussiana, garantindo uma alta probabilidade da próstata na região central da RM.
4. Criar o atlas probabilístico inicial, definido pela Equação 26, usando as marcações dos especialistas alinhadas no passo 3 (Figura 28 - Etapa 4).
5. Finalmente, interpolar os *voxels* do atlas probabilístico inicial em qualquer dimensão usando o método de interpolação trilinear (Figura 28 - Etapa 5). Neste passo, é possível criar um atlas probabilístico de qualquer dimensão.

Os *voxels* com valores mais altos indicam probabilidades maiores de serem *voxels* da próstata. Assim, o atlas probabilístico fornece informações prévias da localização da próstata. Após a subetapa de construção do atlas probabilístico, cada imagem de RM possui um atlas probabilístico correspondente com a mesma dimensão.

4.4.2 Agrupamento em *superpixels*

A etapa de segmentação usa o *superpixel* como unidade básica para extrair a superfície da próstata tanto na imagem de RM quanto no atlas probabilístico. Considerando

Figura 28 – Construção do atlas probabilístico.



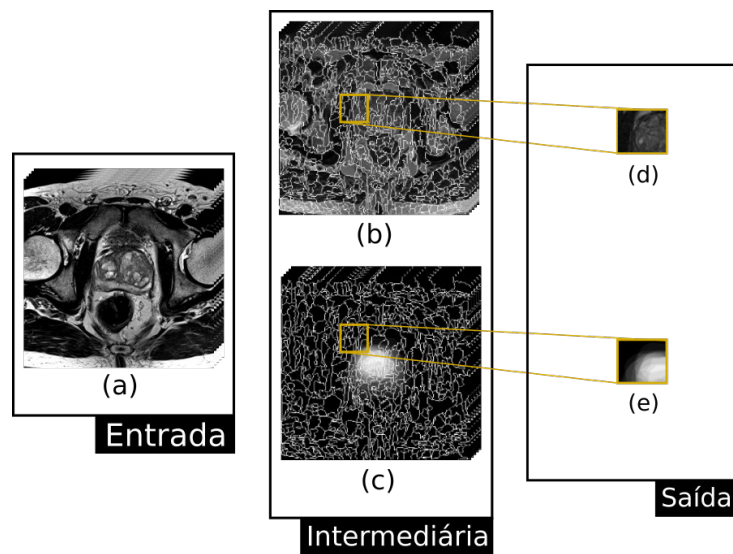
o fato de que o espaçamento entre as fatias transversais nas bases de imagens é muito maior do que o espaçamento entre dois *voxels* dentro da mesma fatia, o agrupamento e a classificação dos *superpixels* são executados em fatia por fatia a partir da visualização axial, caso contrário, isso degradaria a formação de *supervoxels* se aplicado em 3D devido à baixa resolução no eixo z .

A técnica de *superpixel* reduz significativamente os custos computacionais, aumentando potencialmente a precisão da detecção, pois é mais robusta ao ruído do que o método baseado em *pixels* (TIAN et al., 2016; TIAN et al., 2017). O algoritmo IMSLIC foi aplicado nessa subetapa. O algoritmo requer dois parâmetros, o tamanho médio do *superpixel* e o fator de compactação. Além disso, o IMSLIC pode capturar com eficiência características não homogêneas em uma imagem, apresentando pequenos *superpixels* em regiões com conteúdo denso e *superpixels* grandes em regiões com conteúdo esparsos (LIU et al., 2018).

O algoritmo IMSLIC agrupa cada fatia da imagem de RM para obter *superpixels* que descrevem as características de textura local. Para agregar características espaciais, a

mesma região do *superpixel* foi extraída no atlas probabilístico correspondente. A Figura 29 apresenta este processo. Ambos os *superpixels* estão centralizados em uma imagem de *patch* de 64 x 64. Os *superpixels* extraídos da imagem de RM apresentam a textura original da imagem como fundo.

Figura 29 – Agrupamento em *superpixels*. (a) Imagem original, (b) IMSLIC aplicado à imagem de RM, (c) mesmo IMSLIC no atlas probabilístico correspondente, (d) *superpixel* apresentando características de textura, e (e) *superpixel* apresentando características espaciais.

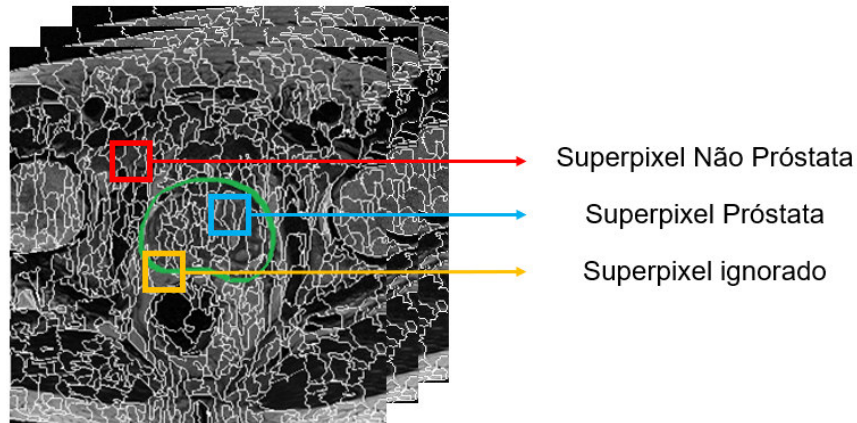


4.4.3 Classificação dos *superpixels*

A próxima subetapa é classificar os *superpixels* em tecidos de próstata e não próstata. Portanto, é necessário rotular os *superpixels* em duas classes: próstata e não próstata. Para definir quais *superpixels* pertencem a região da próstata, utilizou-se a marcação do especialista. Um *superpixel* é considerado um tecido da próstata se tiver pelo menos 70% de seus *pixels* encontrados na marcação do especialista. Se um *superpixel* obtiver uma proporção menor que 70%, ele será ignorado para evitar um mau ajuste dos pesos nos classificadores. Finalmente, todos os outros *superpixels* são rotulados como tecidos de não próstata. A Figura 30 detalha o processo de rotulagem dos *superpixels*.

Após o processo de rotulagem dos *superpixels* nas classes próstata e não próstata, a classificação dos *superpixels* é realizada baseada em três métodos diferentes. O primeiro método, detalhado na Figura 31, descreve uma abordagem baseada na técnica de aprendizagem profunda redes neurais convolucionais (CNN). O segundo método,

Figura 30 – Processo de rotulação dos *superpixels*.



apresentado na Figura 32, detalha uma abordagem convencional baseada nos índices filogenéticos e no algoritmo XGBoost. Por fim, o terceiro método, ilustrado na Figura 33, apresenta uma abordagem híbrida usando a técnica CNN e o algoritmo XGBoost. Todos os métodos utilizam o atlas probabilístico, o algoritmo IMSLIC e o algoritmo PSO na etapa de segmentação.

Figura 31 – Método baseado na técnica CNN e o algoritmo PSO.

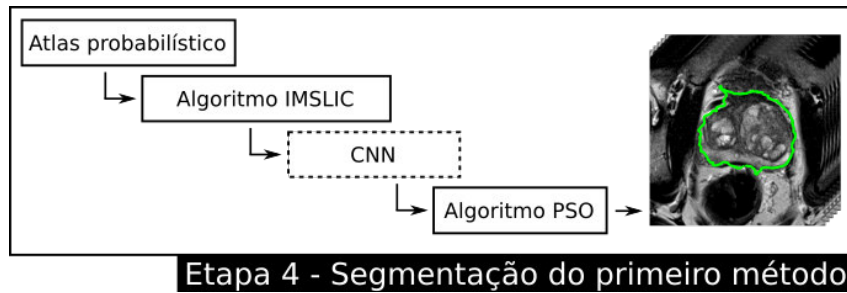


Figura 32 – Método baseado nos índices filogenéticos, XGBoost e o algoritmo PSO.

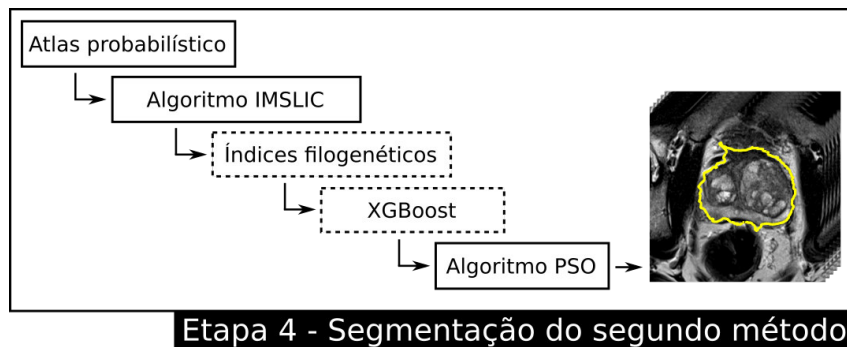
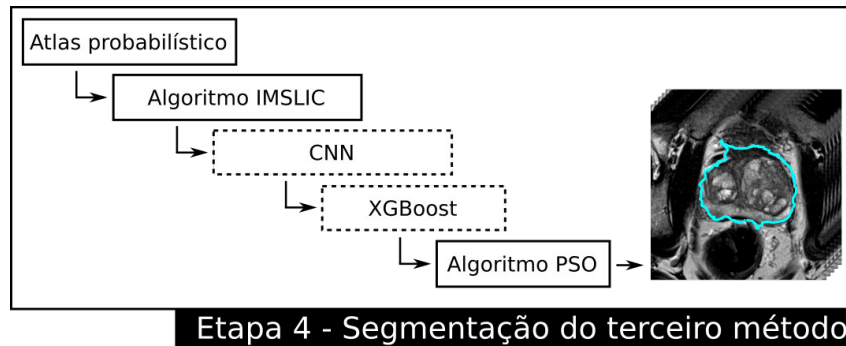


Figura 33 – Método baseado na técnica CNN, XGBoost e o algoritmo PSO.

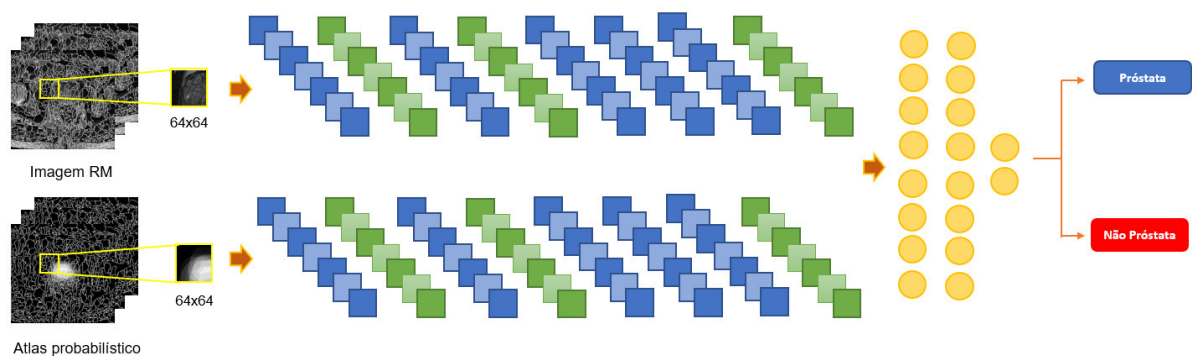


4.4.3.1 Método baseado na técnica CNN e o algoritmo PSO

A técnica CNN, descrita na Seção 3.8.1, extrai implicitamente as características dos padrões visuais apresentados como entrada e classifica os padrões a partir das características extraídas (LECUN; BENGIO; HINTON, 2015). Em geral, a CNN consiste em camadas convolucionais, camadas de subamostragem, camadas de ativação e camadas totalmente conectadas, com vários hiperparâmetros que variam de acordo com a aplicação para cada camada (LECUN et al., 2010).

A Figura 34 apresenta a arquitetura da técnica CNN proposta para a classificação dos *superpixels*. Os *superpixels* extraídos da imagem de RM e do atlas probabilístico correspondente são usados simultaneamente para a classificação dos tecidos de próstata e não próstata pela camada completamente conectada. Com isso, a técnica CNN incorpora, na subetapa de classificação dos *superpixels*, informações de texturas através dos *superpixels* extraídos da imagem de RM e informações espaciais através dos *superpixels* extraídos do atlas probabilístico.

Figura 34 – Redes neurais convolucionais profundas baseadas em *superpixels*. Bloco azul representa a camada de convolução, bloco verde representa a camada de subamostragem e o bloco amarelo representa a camada completamente conectada.



Existem algumas razões para usar a CNN no método proposto: 1) os pesos da camada convolucional usados para a extração de características, bem como da camada totalmente conectada usada para a classificação, são determinados automaticamente durante o processo de treinamento, eliminando a necessidade da engenharia de características (LECUN et al., 2010) e 2) a técnica CNN é resistente a ruídos e distorções na imagem de entrada (LECUN; BENGIO; HINTON, 2015), como as causadas pela variação no protocolo de aquisição das imagens de RM.

Não obstante, o treinamento de diferentes modelos CNN é desafiador, pois a determinação manual dos hiperparâmetros ótimos para cada camada na arquitetura é exigente e cara. Essas tecnologias admitem uma grande variedade de arquiteturas específicas, adequadas para uma ampla gama de aplicações (XU et al., 2016; SILVA et al., 2017; JIA et al., 2018). Assim, o algoritmo PSO foi utilizado para otimizar o número de filtros capazes de discriminar tecidos de próstata e não próstata em cada camada convolucional, eliminando, assim, a exigência de uma busca manual (SILVA et al., 2018).

A arquitetura geral da CNN é representada na Figura 34. A CNN proposta contém cinco camadas convolucionais com camadas intercaladas de subamostragem, seguidas de duas camadas totalmente conectadas com regularização de 50% de dropout, e uma camada de saída com ativação softmax para a classificação binária. O tamanho do filtro de todas as camadas convolucionais é definido como 5 x 5 e toda a camada de subamostragem é definida como 2 x 2. Finalmente, o número de neurônios em ambas as camadas totalmente conectadas é determinado como 4096. Esses hiperparâmetros foram utilizados baseados na arquitetura AlexNet proposta por Krizhevsky, Sutskever e Hinton (2012).

O algoritmo PSO otimiza a quantidade de filtros em todas as camadas convolucionais. Uma vez que esses hiperparâmetros são obtidos automaticamente, o modelo criado da CNN pode priorizar uma das informações dadas como entrada, característica de textura ou característica espacial, a fim de obter um modelo com maior capacidade de discriminação entre os tecidos da próstata e não próstata. As partículas são codificadas em uma lista de dez coordenadas, correspondendo aos hiperparâmetros a serem otimizados, conforme descrito na Tabela 5.

Todas as partículas do enxame inicial são inicializadas aleatoriamente com valores inteiros entre 96 e 384. O intervalo foi baseado no menor e maior número de mapas de características encontrados na arquitetura AlexNet proposta por Krizhevsky, Sutskever e Hinton (2012). O *fitness* de uma partícula, definida pela Equação 48, é avaliado através

Tabela 5 – Definição das partículas do algoritmo PSO no primeiro método.

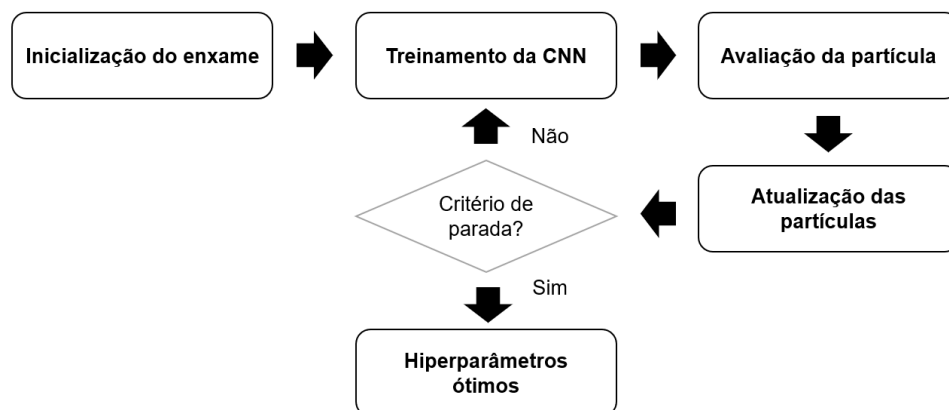
Coordenadas da partícula	Hiperparâmetros da técnica CNN
x_1	Filtros na primeira camada de convolução do <i>superpixel</i> da imagem de RM
x_2	Filtros na segunda camada de convolução do <i>superpixel</i> da imagem de RM
x_3	Filtros na terceira camada de convolução do <i>superpixel</i> da imagem de RM
x_4	Filtros na quarta camada de convolução do <i>superpixel</i> da imagem de RM
x_5	Filtros na quinta camada de convolução do <i>superpixel</i> da imagem de RM
x_6	Filtros na primeira camada de convolução do <i>superpixel</i> do atlas
x_7	Filtros na segunda camada de convolução do <i>superpixel</i> do atlas
x_8	Filtros na terceira camada de convolução do <i>superpixel</i> do atlas
x_9	Filtros na quarta camada de convolução do <i>superpixel</i> do atlas
x_{10}	Filtros na quinta camada de convolução do <i>superpixel</i> do atlas

dos resultados obtidos pelo modelo criado da CNN no conjunto de validação, usando os hiperparâmetros propostos. Um peso maior é atribuído à métrica sensibilidade para obter modelos com alta capacidade de classificar corretamente os tecidos da próstata.

$$Fitness = (2 * sensibilidade) + especificidade + acurácia \quad (48)$$

Em cada iteração do algoritmo, cada partícula atualiza sua posição e velocidade de acordo com sua melhor posição individual ($Pbest$) no espaço de busca, bem como a melhor posição do enxame ($Gbest$). O algoritmo PSO é repetido até que o número máximo de iterações seja atingido. Uma vez terminado, a partícula representada por $Gbest$ é o conjunto de hiperparâmetros ótimos para a classificação dos *superpixels* em próstata e não próstata. A Figura 35 demonstra o fluxograma do algoritmo PSO aplicado no primeiro método.

Figura 35 – Fluxograma do algoritmo PSO aplicado no primeiro método.



4.4.3.2 Método baseado nos índices filogenéticos, XGBoost e o algoritmo PSO

A extração de características de textura nas imagens de RM é de grande importância, pois são através dessas informações que torna-se capaz mensurar propriedades muitas vezes imperceptíveis ao olho do especialista. Portanto, neste método, foram utilizados os índices de diversidade filogenética, apresentados na Seção 3.4.6.2, para a descrição da textura dos *superpixels* extraídos da imagem de RM e do atlas probabilístico correspondente, baseados na árvore filogenética na forma de cladograma inclinado com exclusão das espécies sem indivíduos. Portanto, para cada *superpixel*, foram extraídas 12 características de textura usando os índices filogenéticos, totalizando assim, 24 características (*superpixels* da imagem de RM e do atlas probabilístico).

Os índices de diversidade filogenética foram utilizados no método proposto devido a sua eficiência na análise das diversidades entre as espécies em uma região (MAGURRAN, 2005). Uma vez que as espécies são representadas pelos valores de *pixels* no nosso trabalho e as imagens de RM não apresentarem um intervalo fixo de valores (MAZZOLA, 2009), as texturas presentes na próstata e na região adjacente à próstata podem ser discriminadas pelos índices filogenéticos, por conta da grande quantidade de espécies presentes nas imagens de RM.

O vetor de características extraído foi submetido ao algoritmo *eXtreme Gradient Boosting* (XGBoost), descrito na Seção 3.9, para a classificação em tecido de próstata e não próstata. A escolha pelo algoritmo XGBoost foi baseada nas suas vantagens comparado as demais técnicas de classificação: 1) incorpora o conceito de regularização para evitar modelos muito complexos, que tendem a gerar *overfitting* e 2) utiliza paralelização e gerenciamento de memória em cache para acelerar o processamento (CHEN; GUESTRIN, 2016).

No entanto, assim como a técnica CNN, o algoritmo XGBoost apresenta vários hiperparâmetros específicos que variam conforme a aplicação. Em modelos baseados em árvores, os hiperparâmetros incluem a profundidade máxima da árvore, o número de árvores a crescer, o número de variáveis a serem consideradas ao construir cada árvore, o número mínimo de amostras em uma folha, a fração de observações usado para construir uma árvore, entre outros (CHEN; GUESTRIN, 2016). Por isso, o algoritmo PSO foi aplicado para otimizar alguns dos hiperparâmetros do algoritmo XGBoost.

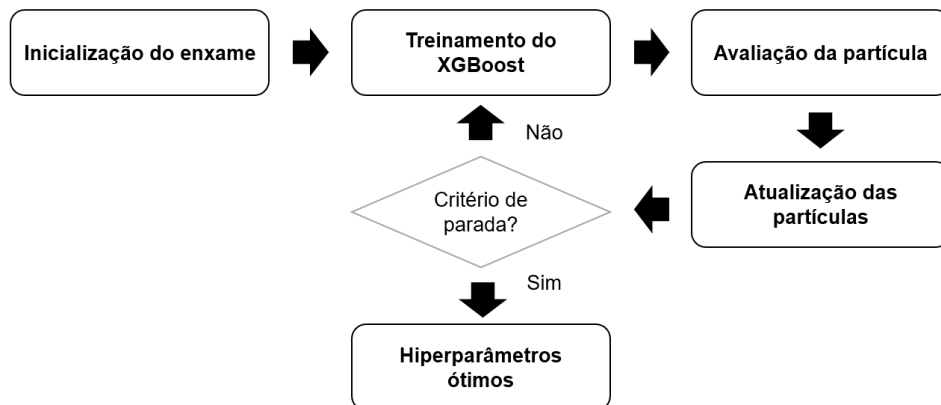
A Tabela 6 apresenta a codificação das partículas no algoritmo XGBoost. Cada partícula possui as seguintes coordenadas: x_1 representa a profundidade máxima da árvore com valores entre 1 e 10, x_2 representa a taxa de subamostra de características ao construir cada árvore com valores entre 0 e 1, x_3 representa a soma mínima de pesos de todas as observações necessárias em uma nova árvore, com valores entre 1 e 10, x_4 representa a redução de perda mínima necessária para fazer uma nova partição em um nó folha da árvore, com valores entre 0 e 1, e por fim, x_5 representa a taxa de aprendizagem, com valores entre 0 e 1.

Tabela 6 – Definição das partículas do algoritmo PSO no segundo método.

Coordenadas da partícula	Hiperparâmetros do algoritmo XGBoost
x_1	Profundidade máxima da árvore
x_2	Taxa de subamostra de características por árvore
x_3	Soma mínima de pesos de todas as observações
x_4	Redução de perda mínima para fazer uma nova partição
x_5	Taxa de aprendizagem

Todas as partículas do enxame inicial são inicializadas aleatoriamente, respeitando o intervalo de valores de cada coordenada. O *fitness* da partícula, descrito na Equação 48, é calculado através dos resultados obtidos pelo algoritmo XGBoost no conjunto de validação usando os hiperparâmetros selecionados. Uma vez satisfeito o critério de parada, a partícula representada por *Gbest* é o conjunto de hiperparâmetros ótimos para a classificação dos *superpixels* em próstata e não próstata. A Figura 36 demonstra o fluxograma do algoritmo PSO aplicado no segundo método.

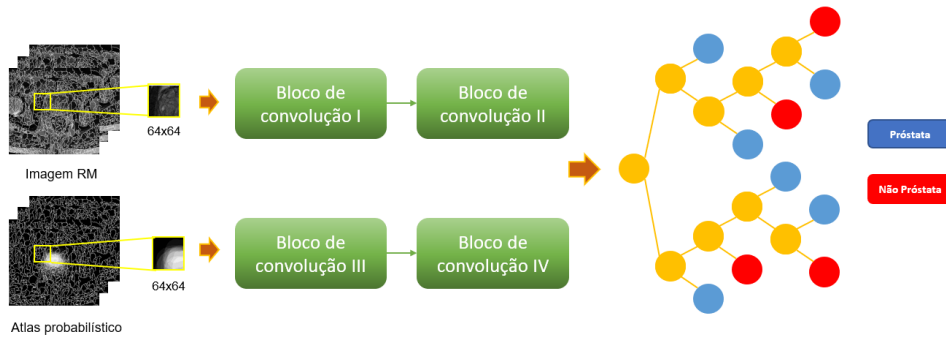
Figura 36 – Fluxograma do algoritmo PSO aplicado no segundo método.



4.4.3.3 Método baseado na técnica CNN, XGBoost e o algoritmo PSO

O terceiro método apresenta uma abordagem híbrida usando a técnica CNN e o algoritmo XGBoost. A Figura 37 mostra a arquitetura proposta para a classificação dos *superpixels*. Neste método, a técnica CNN foi utilizada para a extração implícita das características e o algoritmo XGBoost usado na classificação dos tecidos de próstata e não próstata. Assim como nos métodos anteriores, os superpixels extraídos da imagem de RM e do atlas probabilístico correspondente são usados simultaneamente como entrada da técnica CNN.

Figura 37 – Método híbrido usando a técnica CNN e o algoritmo XGBoost. Bloco verde representa camadas de convolução para extração de características, bloco amarelo representa nós da árvore de decisão, bloco azul representa a classificação de tecido de próstata e o bloco vermelho representa a classificação de tecido de não próstata.



A arquitetura proposta do método híbrido apresenta quatro blocos de convolução para extração das características e, no topo da rede, o algoritmo XGBoost para a classificação dos *superpixels*. Com o intuito de obter características mais robustas, foram inseridas conexões residuais e/ou densas na arquitetura da rede. Portanto, o algoritmo PSO foi aplicado para otimizar os tipos de conexões nos quatro blocos de convolução propostos. A Figura 38 apresenta os três possíveis blocos de convolução.

A Tabela 7 apresenta a codificação das partículas no terceiro método. As partículas apresentam quatro coordenadas com valores inteiros entre 0 e 2. O valor 0 indica o tipo de conexão convencional, ilustrado na Figura 38 (a), o valor 1 representa o tipo de conexão residual, demonstrada na Figura 38 (b), e por fim, o valor 2 descreve o tipo de conexão densa, apresentada na Figura 38 (c). As conexões residuais e densas têm como vantagens: 1) receber conhecimento das camadas anteriores, 2) prevenir o *overfitting*, e 3) maior eficiência computacional (SZEGEDY et al., 2016; ZHANG et al., 2018).

Figura 38 – Tipos de conexão usados nos blocos de convolução. (a) Convencional, (b) residual e (c) densa.

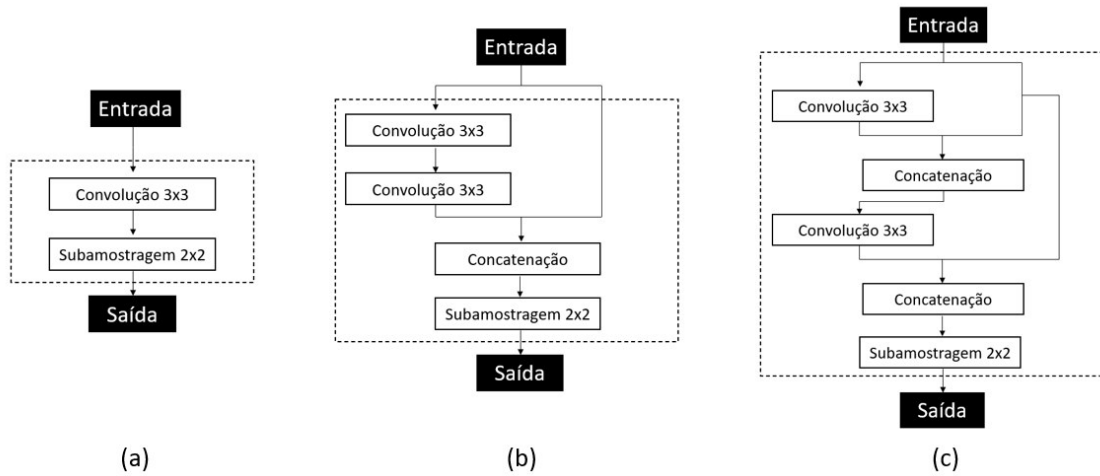


Tabela 7 – Definição das partículas do algoritmo PSO no terceiro método.

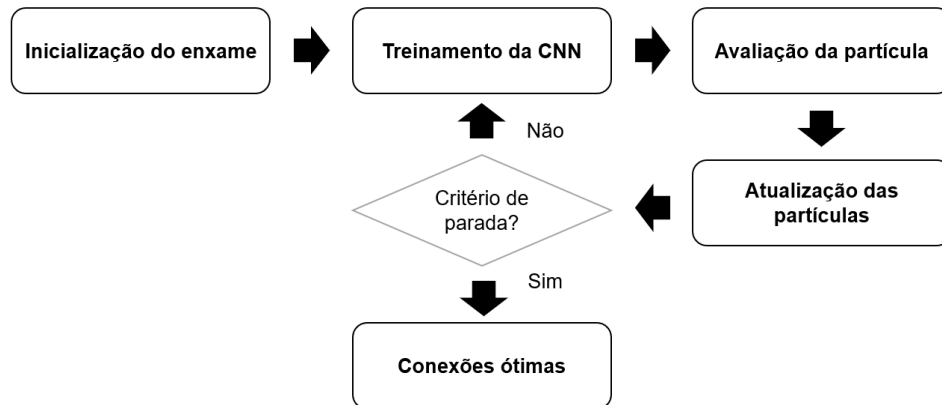
Coordenadas da partícula	Blocos de convolução
x_1	Bloco de convolução I
x_2	Bloco de convolução II
x_3	Bloco de convolução III
x_4	Bloco de convolução IV

Todas as partículas do enxame inicial são inicializadas aleatoriamente com valores inteiros entre 0 e 2. O *fitness* da partícula, descrito na Equação 48, é calculado através dos resultados obtidos pela técnica CNN no conjunto de validação usando os tipos de conexão selecionados. O treinamento da rede utilizou a camada completamente conectada para o ajuste dos pesos, com a mesma configuração apresentada na Seção 4.4.3.1. Uma vez satisfeito o critério de parada, a partícula representada por *Gbest* é o conjunto de conexões ótimas para a extração de características dos *superpixels*. A Figura 39 demonstra o fluxograma do algoritmo PSO aplicado no terceiro método.

4.4.3.4 Distinção entre os métodos propostos

Em resumo, nesta tese foram propostos três métodos diferentes para a classificação dos *superpixels*. No entanto, todos os métodos recebem simultaneamente como entrada os *superpixels* da imagem de RM e do atlas probabilístico, com a finalidade de incorporar informações de textura e espacial.

Figura 39 – Fluxograma do algoritmo PSO aplicado no terceiro método.



- O primeiro método, Seção 4.4.3.1, consiste na utilização da técnica CNN juntamente com o algoritmo PSO para otimização da quantidade de filtros nas camadas de convolução.
- O segundo método, Seção 4.4.3.2, propõe a extração das características de forma explícita usando os índices filogenéticos no algoritmo XGBoost em conjunto com o algoritmo PSO para otimização de alguns hiperparâmetros.
- O terceiro método, Seção 4.4.3.3, apresenta uma abordagem híbrida usando a técnica CNN e o algoritmo XGBoost. Além disso, o algoritmo PSO foi utilizado no terceiro método para otimização dos tipos de conexões nos blocos de convolução.

4.5 Refinamento da segmentação

A imagem reconstruída pela classificação dos *superpixels* em todos os métodos propostos pode apresentar bordas irregulares, quando os *superpixels* não conseguem encontrar o limite da próstata com precisão, como ilustrado na Figura 40 (a). Portanto, a superfície da próstata deve ser refinada. A etapa de refinamento da segmentação é dividida em várias subetapas: 1) dilatação da imagem resultante da etapa de segmentação, 2) obtenção do maior volume encontrado na imagem, 3) aplicação da operação de preenchimento de buracos, e por fim, 4) o filtro da mediana.

Na primeira subetapa, utilizou-se a operação morfológica dilatação, apresentada na Seção 3.4.7.1, com um elemento estruturante do tipo circular 5 x 5. O objetivo desta subetapa é suavizar as bordas da próstata segmentada. A Figura 40 apresenta a aplicação da dilatação na imagem segmentada da próstata.

Figura 40 – Aplicação da dilatação na imagem segmentada. (a) Imagem de entrada e (b) imagem dilatada.



A segunda subetapa consiste na obtenção do maior volume encontrado na imagem dilatada. Uma vez que possam existir *superpixels* classificados erroneamente na região de não próstata, e consequentemente, desconectados da região de próstata, eles precisam ser eliminados da segmentação final. A Figura 41 apresenta a obtenção do maior volume encontrado na imagem dilatada.

Figura 41 – Obtenção do maior volume encontrado na imagem dilatada. (a) Imagem de entrada e (b) imagem com o maior volume.



Na terceira subetapa, utilizou-se a operação de preenchimento de buracos, demonstrada na Seção 3.4.7.2, com um elemento estruturante do tipo circular 5 x 5. O objetivo desta subetapa é recuperar possíveis *superpixels* de próstata classificados erroneamente na etapa de segmentação. A Figura 42 apresenta a aplicação da operação de preenchimento de buracos.

A última subetapa compreende a aplicação do filtro da mediana com janela 3 x 3 para corrigir os ruídos na imagem resultante da segmentação final, ilustrada na Figura 42 (b). Ao final da etapa de refinamento da segmentação, a região da próstata apresenta bordas

Figura 42 – Aplicação da operação de preenchimento de buracos. (a) Imagem de entrada e (b) imagem com a aplicação do preenchimento de buracos.



mais suavizadas e sem falhas na região interior da próstata. Todos os parâmetros utilizados nessa etapa foram definidos empiricamente.

4.6 Avaliação dos resultados

Após as etapas de segmentação da próstata, é necessário validar os resultados. Este trabalho utiliza métricas, geralmente empregadas na literatura, para análise de desempenho de sistemas baseados em processamento de imagens e reconhecimento de padrões aplicados na segmentação de imagens. As métricas de avaliação de desempenho utilizadas, descritas na Seção 3.10, são o coeficiente de interseção sobre a união, coeficiente de similaridade Dice, volume relativo da diferença, similaridade volumétrica, distância média da superfície, distância de Hausdorff, sensibilidade, especificidade e acurácia.

Tais métricas têm o objetivo de medir o desempenho dos métodos propostos como satisfatórios ou não, além de auxiliar na identificação de pontos positivos e negativos, para melhoria futura deste trabalho nas fases de treinamento, validação e teste.

5 Resultados e discussão

Neste capítulo são apresentados e discutidos os resultados obtidos com os métodos propostos para a segmentação automática da próstata em imagens de RM 3D. Todos os experimentos foram implementados nas linguagens de programação Python e C++ com o auxílio das bibliotecas Keras (CHOLLET et al., 2015) e ITK (YOO et al., 2002), executando em uma máquina com processador Intel Core i7-6700HQ, 16GB de RAM, GeForce GTX 1070 de 8 GB e sistema operacional Windows. A estratégia para a análise dos resultados é detalhada a seguir: 1) divisão das bases de imagens, 2) resultados da detecção da próstata, 3) avaliação da etapa de melhoramento das imagens, 4) resultados da segmentação da próstata, 5) comparação entre os métodos propostos, 6) comparação com outras técnicas de segmentação, e por fim, 7) comparação com os trabalhos relacionados.

5.1 Divisão das bases de imagens

Ambas as bases de imagens, conforme descritas na Seção 4.1, contêm 56 exames de RM ponderadas em T2, juntamente com a marcação da próstata feita pelo especialista. Para avaliar os métodos propostos, as bases de imagens foram unidas e divididas aleatoriamente em três conjuntos: treinamento, validação e teste. As proporções de separação das bases de imagens utilizadas neste trabalho foram de 60%, 20% e 20%, respectivamente. Portanto, o conjunto de treinamento contém 34 exames de RM, o conjunto de validação contém 11 exames de RM e, por fim, o conjunto de teste contém 11 exames de RM. Todos os métodos foram avaliados usando os mesmos conjuntos de treinamento, validação e teste.

5.2 Resultados da detecção da próstata

A etapa de detecção da próstata, descrita na Seção 4.2, foi aplicada fatia por fatia usando a rede YOLO. O treinamento da YOLO foi realizado em duas fases utilizando os pesos pré-treinados na base *ImageNet*, comumente usada como uma forma de acelerar o processo de convergência da rede, por conta da diversidade de imagens contidas na base (DENG et al., 2009). A primeira fase consiste no treinamento do modelo em 50 épocas, congelando as primeiras camadas da rede, ou seja, sem atualizar os pesos atuais. A ideia é obter um valor de erro estável (REDMON; FARHADI, 2018). A segunda fase consiste na

continuação do treinamento em mais 50 épocas sem o congelamento das primeiras camadas. O objetivo da segunda fase é refinar todos os pesos da rede.

O conjunto de treinamento contém 604 fatias, o conjunto de validação contém 140 fatias e o conjunto de teste contém 169 fatias. Essa proporção é resultante da divisão das bases de imagens explicada na Seção 5.1. No total, o treinamento da rede foi de 100 épocas com *batches* de 4 fatias na primeira fase e 16 fatias na segunda fase. O algoritmo de otimização utilizado foi o Adam (KINGMA; BA, 2014) com uma taxa de aprendizado igual a 0,001. A configuração do treinamento foi definida empiricamente. Além disso, técnicas de aumento de dados como escala, translação e espelhamento foram aplicadas nos conjuntos de treinamento e validação para garantir o poder de generalização da rede, com um percentual de aumento dos dados em torno de 250%.

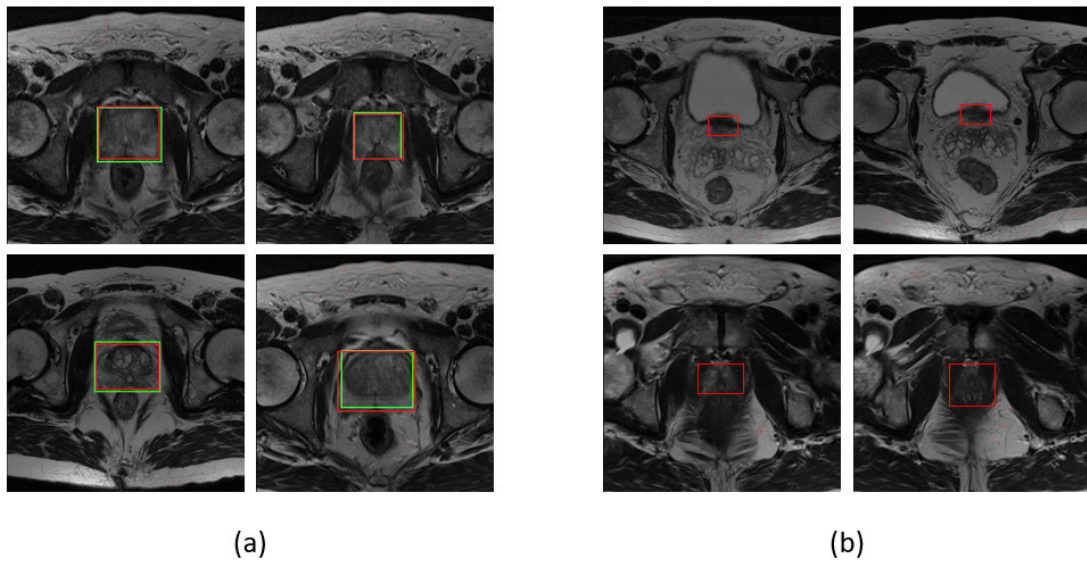
A Tabela 8 apresenta os resultados na etapa de detecção da próstata nos conjuntos de validação e teste. Os resultados incluem o coeficiente de interseção sobre a união (IoU) médio, a taxa de VP que representa o total de fatias de próstata detectadas corretamente e a taxa de FN que representa o total de fatias de próstata que não foram detectadas. Em ambos os conjuntos de imagens, o modelo da YOLO obteve um resultado satisfatório na detecção da próstata, apresentando um valor muito baixo de perdas. O tempo de execução total da etapa de detecção da próstata foi de aproximadamente 40 minutos, com a fase de predição da *bounding box* em torno de 0,5 segundos por fatia.

Tabela 8 – Resultados na etapa de detecção da próstata nos conjuntos de validação e teste.

Conjunto	Fatias	IoU (%)	VP	FN
Validação	140	77,67	139	1
Teste	169	76,56	165	4

A Figura 43 apresenta exemplos da etapa de detecção usando a YOLO no conjunto de teste. Na Figura 43 (a) estão ilustradas fatias corretamente detectadas, em que a *bounding box* verde representa a região detectada pela YOLO e a *bounding box* vermelha representa a região da marcação feita pelo especialista. A Figura 43 (b) apresenta fatias que não foram detectadas pela YOLO. No entanto, essas fatias são recuperadas no processo de reconstrução da *bounding box* 3D descrita na Seção 4.2.

Figura 43 – Exemplos da etapa de detecção usando a YOLO. (a) Fatias corretamente detectadas e (b) fatias que não foram detectadas.



5.3 Avaliação do melhoramento das imagens

A etapa de melhoramento das imagens, descrita na Seção 4.3, utilizou o algoritmo PSO em conjunto com o algoritmo IMSLIC para otimizar a escolha e a ordem das técnicas de melhoramento aplicadas. Baseado no estado-da-arte de segmentação da próstata em imagens de RM, destacam-se as seguintes técnicas de melhoramento de imagens: especificação do histograma, quantização uniforme em 8 bits, difusão anisotrópica do gradiente e correção de *bias field*.

Os parâmetros do algoritmo PSO foram atribuídos da seguinte forma. O tamanho do enxame foi definido para 50 partículas, e o número máximo de iterações foi definido para 5. Os parâmetros cognitivos e sociais foram ambos definidos como 2,0, porque os resultados experimentais na literatura demonstraram que a configuração dos parâmetros fixos nesse valor gera soluções mais eficazes (EBERHART; SHI, 2000; CAI et al., 2009). Finalmente, o peso de inércia foi ajustado para 0,7, sendo um valor efetivo no intervalo de 0,2 a 0,9 (EBERHART; SHI, 2000). A Tabela 9 apresenta os parâmetros do algoritmo PSO na etapa de melhoramento.

Para o cálculo do *fitness* da partícula, o algoritmo IMSLIC agrupou todas as imagens de RM em *superpixels*. Portanto, os parâmetros do algoritmo IMSLIC, definidos empiricamente, foram: 25 x 25 de tamanho médio e 10 de fator de compacidade, o qual equilibra a proximidade do espaço de cores com a regularização espacial, ou seja,

Tabela 9 – Parâmetros definidos para o algoritmo PSO na etapa de melhoramento.

Parâmetro	Valor
Tamanho do enxame	50
Número de iterações	5
Constante de inércia	0,7
Parâmetro cognitivo	2
Parâmetro social	2

quanto menor este parâmetro de compacidade mais ajustado ao espaço de cores será o *superpixel* (ACHANTA et al., 2012).

A Tabela 10 apresenta os resultados das melhores partículas no conjunto de validação ao final da execução do algoritmo PSO. A partícula *Gbest* obteve um coeficiente de similaridade Dice (DSC) médio de 85,10% com a aplicação apenas do filtro difusão anisotrópica do gradiente. Além disso, a Tabela 10 demonstra o resultado sem a aplicação da etapa de melhoramento. O tempo de execução total da otimização do melhoramento foi de aproximadamente 2 horas.

Tabela 10 – Resultados obtidos na etapa de melhoramento no conjunto de validação. Especificação do histograma (HM), quantização uniforme em 8 bits (UQ), difusão anisotrópica do gradiente (GAD) e correção de *bias field* (BFC).

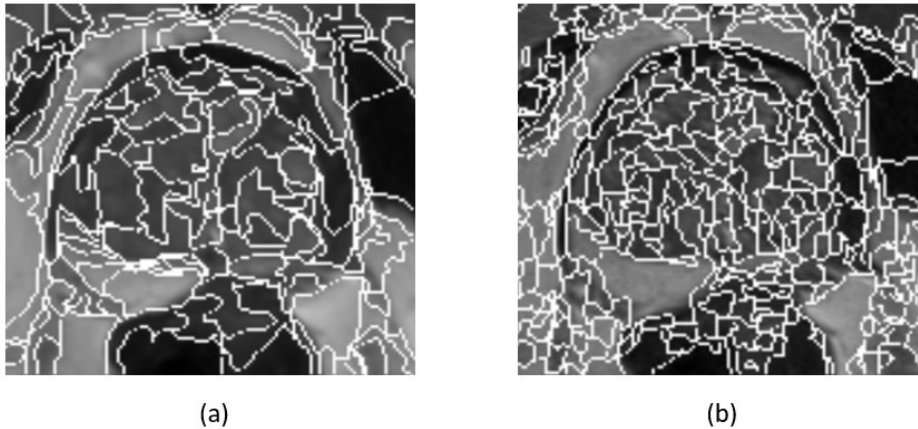
Técnicas de melhoramento aplicadas em sequência	DSC (%)
GAD	85,10
HM, GAD e UQ	80,93
GAD e UQ	77,85
UQ, GAD e HM	76,48
BFC, GAD, UQ e HM	75,82
Sem melhoramento	59,71

Analisando a Tabela 10, percebe-se a escolha pelo filtro difusão anisotrópica do gradiente nas cinco melhores partículas do enxame final. Esse fato deve-se a característica do filtro em reduzir os ruídos da imagem, preservando as bordas. Logo, os *superpixels* gerados pelo algoritmo IMSLIC se adaptam melhor as variações na anatomia da próstata. Outro ponto importante analisado é a necessidade da etapa de melhoramento, visto que o DSC médio obtido sem nenhum melhoramento foi de apenas 59,71%.

A Figura 44 demonstra uma avaliação qualitativa da etapa de melhoramento. Na Figura 44 (a) está ilustrada uma fatia de RM pré-processada com o filtro difusão anisotrópica do gradiente. A Figura 44 (b) apresenta a mesma fatia sem nenhum melhoramento. Nota-se que os *superpixels* se adequam melhor à próstata na imagem

pré-processada. Além do mais, a imagem pré-processada apresenta uma textura mais homogênea, conseqüentemente, uma menor quantidade de *superpixels* são extraídos. Este fato acelera o processo de classificação dos *superpixels*.

Figura 44 – Avaliação qualitativa da etapa de melhoramento. (a) Fatia pré-processada com o filtro difusão anisotrópica do gradiente e (b) a mesma fatia sem nenhum melhoramento.



5.4 Resultados finais da segmentação da próstata

Esta seção apresenta os resultados obtidos pelos três métodos propostos para a segmentação automática da próstata em imagens de RM 3D, descrita na Seção 4.4. O primeiro método, detalhado na Seção 4.4.3.1, descreve uma abordagem baseada na técnica de aprendizagem profunda redes neurais convolucionais (CNN) em conjunto com o algoritmo PSO. O segundo método, apresentado na Seção 4.4.3.2, detalha uma abordagem convencional baseada nos índices filogenéticos, o algoritmo XGBoost e o algoritmo PSO. Por fim, o terceiro método, descrito na Seção 4.4.3.3, apresenta uma abordagem híbrida usando a técnica CNN, o algoritmo XGBoost e o algoritmo PSO.

Para o treinamento dos modelos de classificação, todos os *superpixels* com pelo menos 70% de seus *pixels* sobrepostos a marcação da próstata feita pelo especialista foram rotulados como tecido de próstata. Por outro lado, os *superpixels* sem sobreposição com a marcação do especialista foram rotulados como tecido de não próstata. Os demais *superpixels*, com sobreposição abaixo de 70%, foram ignorados no treinamento para evitar um mau ajuste dos pesos nos classificadores. A Tabela 11 apresenta a distribuição da quantidade de *superpixels* de cada classe nos conjuntos de treinamento, validação e teste. Para reduzir o processo de treinamento dos classificadores, redimensionou-se as imagens

dos *patches* dos *superpixels* de 64 x 64 para 28 x 28. Além disso, constatou-se através de experimentos que o redimensionamento dos *patches* dos *superpixels* de 64 x 64 para 28 x 28 apresenta resultados superiores na classificação comparados aos resultados obtidos com outras resoluções, tais como 28 x 28, 32 x 32 e 64 x 64.

Tabela 11 – Distribuição da quantidade de *superpixels* por classe nos conjuntos de treinamento, validação e teste.

Conjunto	Imagens de RM	Próstata	Não próstata	Total
Treinamento	34	29.151	5.753	34.904
Validação	11	4.334	518	4.852
Teste	11	12.751	2.947	15.698

5.4.1 Método baseado na técnica CNN e o algoritmo PSO

O primeiro método proposto utilizou a técnica CNN e o algoritmo PSO para classificar os *superpixels* em tecidos de próstata e não próstata. O treinamento da CNN utilizou o gradiente descendente estocástico para minimizar a discrepância entre a saída desejada e a saída atual, com base na função de perda entropia cruzada (BLOSSOM, 2006). Os pesos foram inicializados usando uma inicialização normalizada (GLOROT; BENGIO, 2010) e atualizados com o algoritmo padrão *backpropagation* (LECUN et al., 2010) para 300 épocas com tamanho de *batch* de 128 *patches* e taxa de aprendizado igual a 0,01. Além disso, os parâmetros do algoritmo PSO usados com a técnica CNN estão descritos na Tabela 12.

Tabela 12 – Parâmetros definidos para o algoritmo PSO em conjunto com a técnica CNN para otimização da quantidade de filtros nas camadas de convolução.

Parâmetro	Valor
Tamanho do enxame	5
Número de iterações	10
Constante de inércia	0,7
Parâmetro cognitivo	2
Parâmetro social	2

A Tabela 13 apresenta os resultados obtidos nos conjuntos de validação e teste na etapa de classificação dos *superpixels* para a partícula representada por *Gbest* no enxame final com o primeiro método proposto. Os resultados incluem a sensibilidade (SEN) média, especificidade (SPE) média e acurácia (ACC) média. A partícula *Gbest* consiste

das seguintes coordenadas: x_1 igual a 180, x_2 igual a 384, x_3 igual a 252, x_4 igual a 121, x_5 igual a 216, x_6 igual a 96, x_7 igual a 193, x_8 igual a 96, x_9 igual a 305 e x_{10} igual a 384. As coordenadas das partículas foram descritas na Tabela 5.

Tabela 13 – Resultados obtidos pela partícula *Gbest* com o primeiro método proposto nos conjuntos de validação e teste.

Conjunto	<i>Superpixels</i>	SEN (%)	SPE (%)	ACC (%)
Validação	4.852	99,92	99,42	99,86
Teste	15.698	95,99	94,29	95,67

A Tabela 14 apresenta os resultados obtidos pela partícula *Gbest* no conjunto de teste para analisar a combinação das duas redes neurais convolucionais paralelas, ou seja, a utilização das informações de textura e espacial como entrada da rede de forma simultânea. Percebe-se que a combinação dos *superpixels* (imagem de RM e atlas probabilístico) apresentou resultados superiores na classificação comparados aos resultados alcançados pelas CNN com as informações individuais.

Tabela 14 – Resultados obtidos pela partícula *Gbest* com o primeiro método proposto no conjunto de teste, analisando a combinação das duas redes neurais convolucionais paralelas.

Experimento	SEN (%)	SPE (%)	ACC (%)
RM	93,11	91,63	92,42
Atlas	87,03	95,43	90,03
RM + Atlas	95,99	94,29	95,67

Analisando a partícula *Gbest*, verificou-se que o modelo criado da CNN priorizou as características de textura nas três primeiras camadas convolucionais (x_1 : 180, x_2 : 384 e x_3 : 252) mais do que as características espaciais (x_6 : 96, x_7 : 193 e x_8 : 96), e somente nas duas últimas camadas convolucionais o modelo usou mais características espaciais (x_9 : 305 e x_{10} : 384) do que características de textura (x_4 : 121 e x_5 : 216). Assim, as características de textura são mais relevantes quando a imagem tem uma resolução mais alta, já que as camadas de subamostragem do tipo máxima ativação reduzem as dimensões da imagem enquanto mantêm os valores máximos baseado no tamanho do filtro, as características espaciais se tornam mais importantes para discriminar os *superpixels* nas últimas camadas.

Para avaliar o desempenho da técnica CNN baseada no algoritmo PSO, usou-se os hiperparâmetros propostos por Krizhevsky, Sutskever e Hinton (2012) e Cheng et al. (2017) no mesmo conjunto de teste, uma vez que ambos utilizam a mesma arquitetura

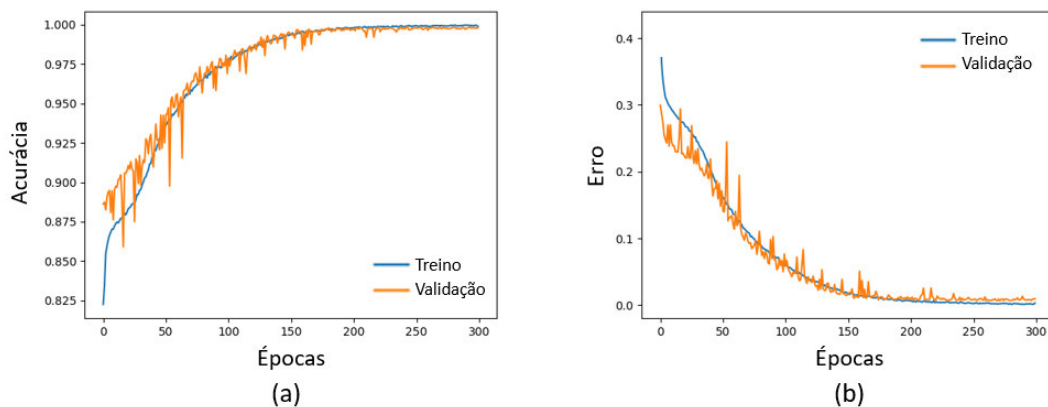
de CNN empregada neste método. Com o objetivo de produzir uma comparação justa entre os hiperparâmetros, todos os experimentos foram realizados com conjuntos idênticos e a mesma configuração de treinamento. Não obstante, os hiperparâmetros obtidos pela partícula *Gbest* apresentaram os melhores resultados para a classificação dos *superpixels* em próstata e não próstata em comparação com os demais, conforme detalhado na Tabela 15.

Tabela 15 – Resultados obtidos por diferentes hiperparâmetros da CNN no conjunto de teste.

Trabalho	Hiperparâmetros	SEN (%)	SPE (%)	ACC (%)
Krizhevsky, Sutskever e Hinton (2012)	96, 256, 384, 384, 256, 96, 256, 384, 384, e 256	95,31	93,51	95,37
Cheng et al. (2017)	64, 192, 384, 256, 256, 64, 192, 384, 256, e 256	95,82	93,58	95,40
partícula <i>Gbest</i>	180, 384, 252, 121, 216, 96, 193, 96, 305, e 384	95,99	94,29	95,67

Quanto ao processo de treinamento, a partícula *Gbest* levou aproximadamente 70 minutos em 300 épocas, atingindo uma sensibilidade de 99,92%, especificidade de 99,42%, acurácia de 99,86%, *fitness* de 3,819 e erro final de 0,001 no conjunto de validação, como ilustrado na Figura 45. O tempo médio do treinamento de uma partícula foi de aproximadamente 100 minutos, que depende da configuração da CNN proposta. O tempo de execução total da otimização dos hiperparâmetros da técnica CNN foi de aproximadamente 84 horas.

Figura 45 – Treinamento da partícula *Gbest*. (a) Curva da acurácia e (b) curva de aprendizagem.



Após a otimização dos hiperparâmetros da técnica CNN, a imagem resultante da etapa de segmentação é reconstruída baseada na classificação dos *superpixels*. Contudo, a imagem resultante pode apresentar bordas irregulares quando os *superpixels* não conseguem encontrar o limite da próstata com precisão. Por isso, todas as imagens foram submetidas a

etapa de refinamento da segmentação, descrita na Seção 4.5, para a correção das possíveis falhas na segmentação da próstata. Ressalta-se que os parâmetros utilizados nessa etapa foram definidos empiricamente.

A Tabela 16 apresenta os resultados obtidos após a etapa de refinamento da segmentação da próstata em imagens de RM no conjunto de teste usando o primeiro método proposto. Os resultados incluem o coeficiente de similaridade Dice (DSC), volume relativo da diferença (RVD), similaridade volumétrica (VS), distância média da superfície (ASD) e a distância de Hausdorff (HD) para as imagens de RM individualmente, e por fim, a média e o desvio padrão de todas as métricas de desempenho. Esses resultados são calculados baseados nos *voxels*.

Tabela 16 – Resultados da segmentação da próstata no conjunto de teste com o primeiro método proposto.

Exame	DSC (%)	RVD (%)	VS	ASD (mm)	HD (mm)
P12-Case23	92,44	1,24	0,99	0,82	12,68
P12-Case26	87,18	4,04	0,98	0,91	13,03
P12-Case27	88,27	-0,86	0,99	0,65	12,64
P12-Case28	88,66	-0,71	0,99	0,68	13,60
P12-Case29	89,95	8,40	0,95	0,80	12,20
P12-Case30	85,21	14,78	0,93	1,09	17,11
P12-Case33	85,66	19,13	0,91	1,15	14,89
P3T-Case13	85,33	-9,60	0,94	0,80	13,63
P3T-Case17	90,91	0,88	0,99	0,96	16,03
P3T-Case26	85,83	-8,06	0,95	0,95	12,08
P3T-Case28	84,89	1,89	0,99	0,89	12,16
Média	87,67	2,83	0,96	0,89	13,65
Desv. Pad.	2,58	8,65	0,02	0,15	1,68

Os resultados obtidos apresentados na Tabela 16 demonstram o desempenho satisfatório do primeiro método proposto para a segmentação da próstata. O método obteve um DSC médio de 87,67% com um desvio padrão de 2,58%, DSC mínimo de 84,89% e um DSC máximo de 92,44%. Além disso, o método apresentou RVD médio de 2,83%. A métrica RVD positiva indica uma sobre-segmentação da próstata. Isto é devido ao treinamento do modelo ignorar os superpixels na borda da próstata.

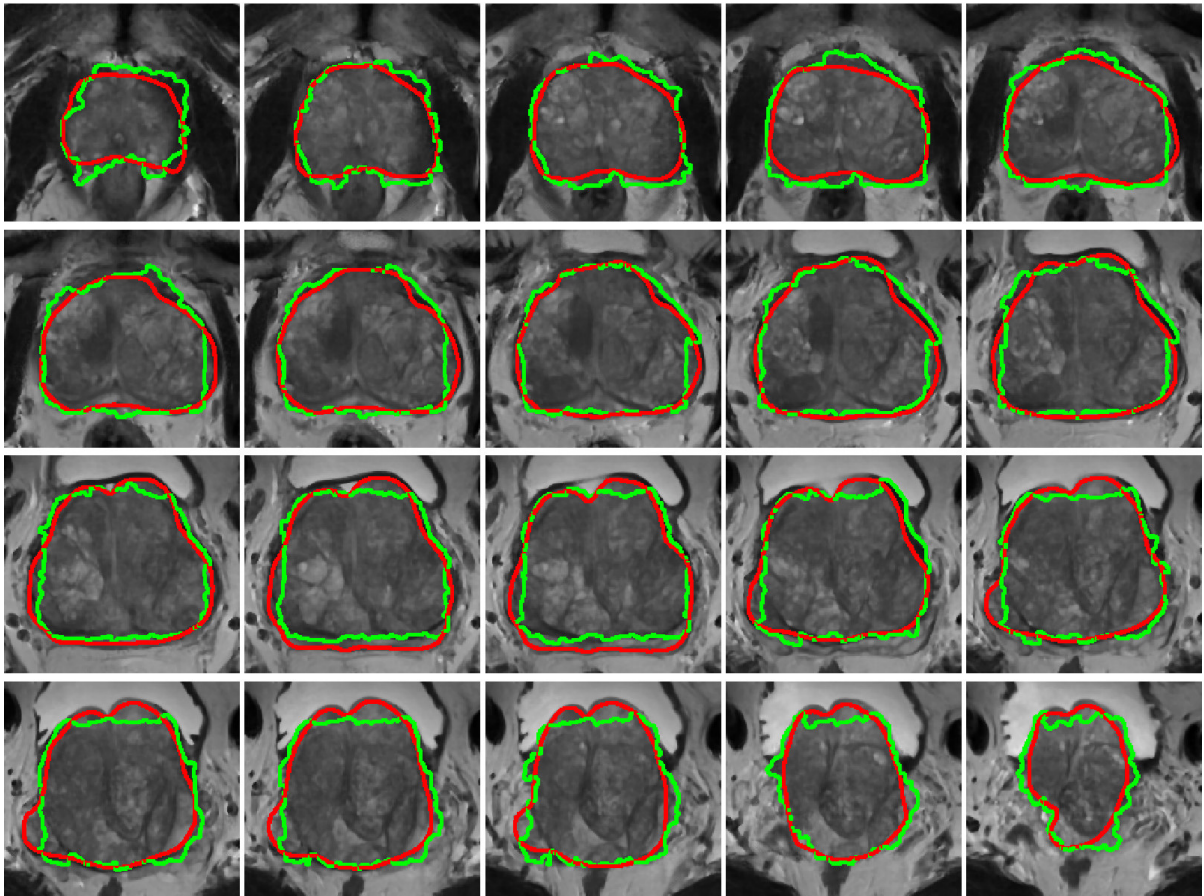
O primeiro método ainda obteve um VS médio de 0,96, com valores próximos do ideal, que seria 1, indicando uma alta similaridade entre os volumes. O ASD médio de 0,89 mm, indicando que o contorno do volume segmentado está bem próximo do contorno do

volume da marcação do especialista. Por fim, o HD médio de 13,65 mm, embora apresente um valor alto, quando analisado junto com o ASD médio, percebe-se que essa distância do ponto mais afastado do contorno do volume segmentado para o contorno do volume da marcação do especialista pode ser devida a algum *superpixel* de borda classificado erroneamente.

5.4.1.1 Estudo de caso

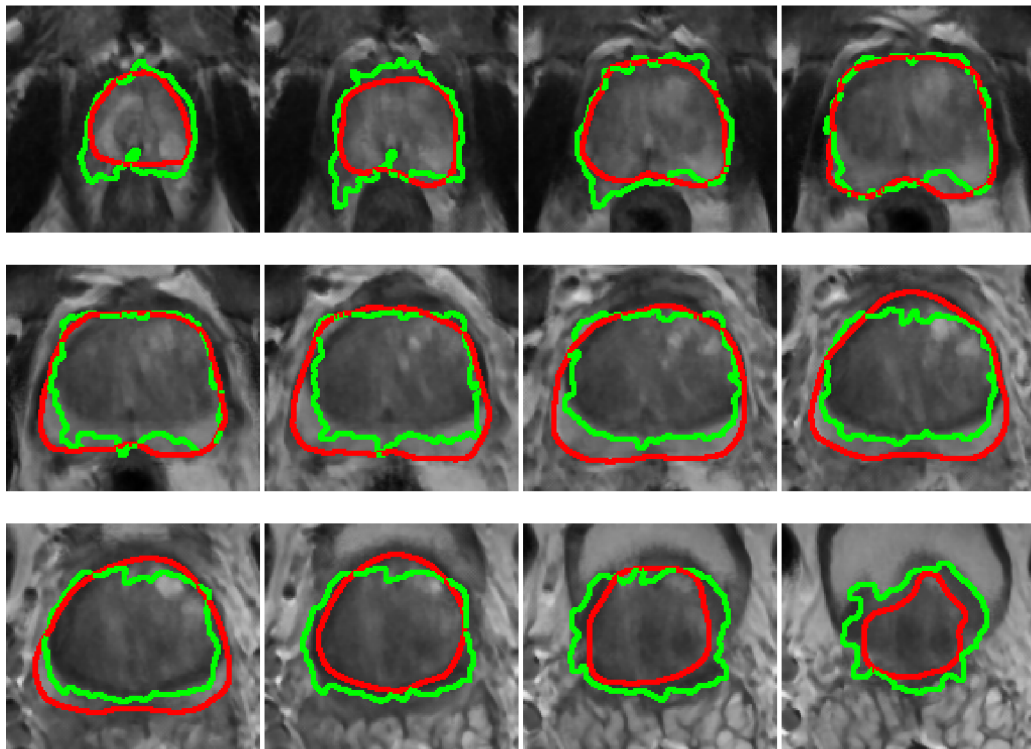
A Figura 46 ilustra um caso de maior precisão obtido pelo primeiro método proposto no conjunto de teste, uma vez que a superfície final da próstata ficou semelhante a marcação do especialista. Nesta imagem de RM, as métricas de desempenho foram: DSC de 92,44%, RVD de 1,24%, VS de 0,99, ASD de 0,82 mm, e HD de 12,68 mm. A superfície final da próstata está destacada em verde e a marcação do especialista é delineada em vermelho.

Figura 46 – Exemplo de caso de maior precisão na segmentação com o primeiro método proposto. A segmentação proposta é destacada em verde e a marcação do especialista é delineada em vermelho.



No entanto, a Figura 47 exibe um caso de menor precisão obtido pelo primeiro método proposto no conjunto de teste, pois a superfície final da próstata divergiu da marcação do especialista. As métricas de desempenho foram: DSC de 84,89%, RVD de 1,89%, VS de 0,99, ASD de 0,89 mm, e HD de 12,16 mm. A superfície final da próstata é destacada em verde e a marcação do especialista é delineada em vermelho. Um alto valor positivo na métrica volume relativo da diferença indica que a superfície segmentada da próstata está maior do que a marcação do especialista. Esse ocorrido deve ser por conta da próstata está sendo pressionada pela bexiga que está localizada logo acima da próstata, resultando em falhas no agrupamento dos *superpixels*.

Figura 47 – Exemplo de caso de menor precisão na segmentação com o primeiro método proposto. A segmentação proposta é destacada em verde e a marcação do especialista é delineada em vermelho.



5.4.2 Método baseado nos índices filogenéticos, XGBoost e o algoritmo PSO

O segundo método proposto utilizou os índices filogenéticos, o algoritmo XGBoost e o algoritmo PSO para classificar os *superpixels* em tecidos de próstata e não próstata. As 24 características extraídas (*superpixels* da imagem de RM e do atlas probabilístico) usando os

índices filogenéticos foram submetidas ao algoritmo XGBoost. O treinamento do XGBoost utilizou como função objetivo a regressão logística binária (JR; LEMESHOW; STURDIVANT, 2013) com um número fixo de 1.000 árvores de decisão e o termo de regularização dos pesos L2 (LAARHOVEN, 2017). Além disso, os parâmetros do algoritmo PSO usados com o algoritmo XGBoost estão descritos na Tabela 17.

Tabela 17 – Parâmetros definidos para o algoritmo PSO em conjunto com o algoritmo XGBoost para otimização de alguns hiperparâmetros.

Parâmetro	Valor
Tamanho do enxame	10
Número de iterações	10
Constante de inércia	0,7
Parâmetro cognitivo	2
Parâmetro social	2

A Tabela 18 apresenta os resultados obtidos nos conjuntos de validação e teste na etapa de classificação dos *superpixels* para a partícula representada por *Gbest* no enxame final com o segundo método proposto. Os resultados incluem a sensibilidade (SEN) média, especificidade (SPE) média e acurácia (ACC) média. A partícula *Gbest* consiste das seguintes coordenadas: x_1 igual a 9, x_2 igual a 0,852, x_3 igual a 6, x_4 igual a 0,480, e por fim, x_5 igual a 1. As coordenadas das partículas foram descritas na Tabela 6. O tempo de execução total da otimização dos hiperparâmetros do algoritmo XGBoost foi de aproximadamente 8 horas.

Tabela 18 – Resultados obtidos pela partícula *Gbest* com o segundo método proposto nos conjuntos de validação e teste.

Conjunto	<i>Superpixels</i>	SEN (%)	SPE (%)	ACC (%)
Validação	4.852	99,73	96,72	99,39
Teste	15.698	95,81	85,65	93,90

A Tabela 19 apresenta as importâncias de todas as 24 características extraídas usando os índices filogenéticos do modelo criado pela partícula *Gbest*. Nota-se que as características extraídas pelo índice de distinção taxonômico (Δ^*) em ambos os *superpixels* (imagem de RM e atlas probabilístico) apresentam as maiores importâncias do modelo na classificação em próstata e não próstata. Por outro lado, os índices de diversidade filogenética baseados na topologia (Q e W) não foram significantes na classificação dos *superpixels*.

Tabela 19 – Importâncias das características do modelo criado pela partícula *Gbest*.

Importância	Característica
0.0753	Índice de distinção taxonômico do <i>superpixel</i> do atlas
0.0631	Índice de distinção taxonômico do <i>superpixel</i> da imagem de RM
0.0587	Comprimento total mínimo de todos os ramos filogenéticos do <i>superpixel</i> do atlas
0.0529	Entropia quadrática intensiva do <i>superpixel</i> da imagem de RM
0.0496	Distinção média filogenética do <i>superpixel</i> da imagem de RM
0.0490	Índice de diversidade taxonômica do <i>superpixel</i> do atlas
0.0471	Índice de diversidade pura do <i>superpixel</i> do atlas
0.0459	Distinção média filogenética do <i>superpixel</i> do atlas
0.0420	Diversidade filogenética média do <i>superpixel</i> do atlas
0.0398	Comprimento total mínimo de todos os ramos filogenéticos do <i>superpixel</i> da imagem de RM
0.0388	Peso normalizado para cada espécie do <i>superpixel</i> do atlas
0.0386	Entropia quadrática intensiva do <i>superpixel</i> do atlas
0.0383	Índice de diversidade taxonômica do <i>superpixel</i> da imagem de RM
0.0382	Número de nós dentro do máximo caminho enraizado no <i>superpixel</i> do atlas
0.0368	Número de nós dentro do máximo caminho enraizado no <i>superpixel</i> da imagem de RM
0.0364	Índice de diversidade pura do <i>superpixel</i> da imagem de RM
0.0350	Índice de distinção taxonômica média do <i>superpixel</i> do atlas
0.0345	Entropia quadrática extensiva do <i>superpixel</i> da imagem de RM
0.0344	Índice de distinção taxonômica média do <i>superpixel</i> da imagem de RM
0.0332	Entropia quadrática extensiva do <i>superpixel</i> do atlas
0.0295	Soma das contribuições de cada espécie do <i>superpixel</i> do atlas
0.0283	Diversidade filogenética média do <i>superpixel</i> da imagem de RM
0.0280	Soma das contribuições de cada espécie do <i>superpixel</i> da imagem de RM
0.0268	Peso normalizado para cada espécie do <i>superpixel</i> da imagem de RM

A Tabela 20 apresenta os resultados obtidos na etapa de segmentação da próstata em imagens de RM no conjunto de teste usando o segundo método proposto. Semelhante ao primeiro método, todas as imagens foram submetidas a etapa de refinamento da segmentação para a correção das possíveis falhas na segmentação da próstata. Os resultados incluem o coeficiente de similaridade Dice (DSC), volume relativo da diferença (RVD), similaridade volumétrica (VS), distância média da superfície (ASD) e a distância de Hausdorff (HD) para as imagens de RM individualmente, e por fim, a média e o desvio padrão de todas as métricas de desempenho. Esses resultados são calculados baseados nos *voxels*.

Os resultados obtidos apresentados na Tabela 20 demonstram o desempenho satisfatório do segundo método proposto para a segmentação da próstata. O método obteve um DSC médio de 85,64% com um desvio padrão baixo de 1,22%, DSC mínimo de 80,83% e um DSC máximo de 90,64%. Além disso, as médias das métricas de VS, ASD e HD indicam uma alta similaridade volumétrica entre os volumes, VS médio de 0,96, e contornos bem próximos, ASD médio de 1,22 mm com HD médio de 15,13 mm.

Tabela 20 – Resultados da segmentação da próstata no conjunto de teste com o segundo método proposto.

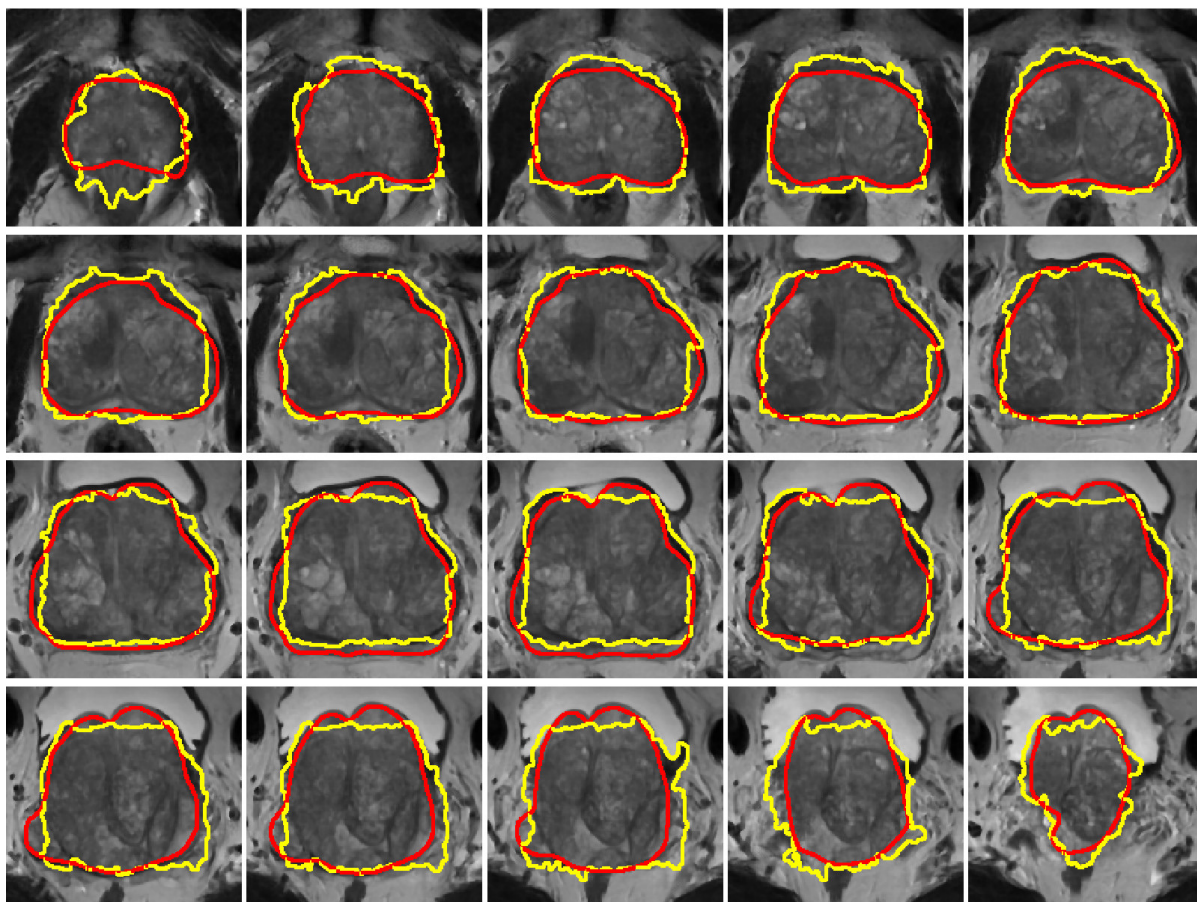
Exame	DSC (%)	RVD (%)	VS	ASD (mm)	HD (mm)
P12-Case23	90,64	5,49	0,97	1,22	18,86
P12-Case26	86,87	3,67	0,98	0,91	13,03
P12-Case27	88,01	-0,09	0,99	0,67	12,64
P12-Case28	87,68	-1,70	0,99	0,78	13,60
P12-Case29	87,11	15,91	0,92	1,21	13,15
P12-Case30	81,55	23,41	0,89	1,65	17,57
P12-Case33	84,81	22,81	0,89	1,30	14,89
P3T-Case13	80,83	3,45	0,98	1,56	18,38
P3T-Case17	87,13	5,66	0,97	1,85	20,02
P3T-Case26	83,54	-1,75	0,99	1,20	12,08
P3T-Case28	83,81	4,18	0,97	1,00	12,16
Média	85,64	7,68	0,96	1,22	15,13
Desv. Pad.	2,98	8,86	0,03	0,37	2,99

5.4.2.1 Estudo de caso

A Figura 48 ilustra um caso de maior precisão obtido pelo segundo método proposto no conjunto de teste, uma vez que a superfície final da próstata ficou semelhante a marcação do especialista. Nesta imagem de RM, as métricas de desempenho foram: DSC de 90,64%, RVD de 5,49%, VS de 0,97, ASD de 1,22 mm, e HD de 18,86 mm. A superfície final da próstata está destacada em amarelo e a marcação do especialista é delineada em vermelho.

Entretanto, a Figura 49 exibe um caso de menor precisão obtido pelo segundo método proposto no conjunto de teste, pois a superfície final da próstata divergiu da marcação do especialista. As métricas de desempenho foram: DSC de 80,83%, RVD de 3,45%, VS de 0,98, ASD de 1,56 mm, e HD de 18,38 mm. A superfície final da próstata é destacada em amarelo e a marcação do especialista é delineada em vermelho. Embora observa-se algumas incompatibilidades nas primeiras fatias do exame, a superfície da próstata está próxima da marcação do especialista nas demais fatias. Isso acontece porque a anatomia nas regiões da base e do ápice da próstata não estão bem definidas quanto a região central.

Figura 48 – Exemplo de caso de maior precisão na segmentação com o segundo método proposto. A segmentação proposta é destacada em amarelo e a marcação do especialista é delineada em vermelho.



5.4.3 Método baseado na técnica CNN, XGBoost e o algoritmo PSO

O terceiro método apresentou uma abordagem híbrida usando a técnica CNN, o algoritmo XGBoost e o algoritmo PSO para classificar os *superpixels* em tecidos de próstata e não próstata. Na fase de extração das características, a arquitetura da CNN, mostrada na Figura 37, foi treinada em conjunto com o algoritmo PSO para a otimização dos tipos de conexões nos quatro blocos de convolução propostos. Os parâmetros do algoritmo PSO usados com a técnica CNN estão descritos na Tabela 21. Durante a fase de treinamento, a rede utilizou a camada completamente conectada para o ajuste dos pesos.

O treinamento da CNN utilizou a mesma configuração empregada no treinamento da CNN do primeiro método, com exceção de que a quantidade de filtros nos dois primeiros blocos de camadas de convolução, independente do tipo de conexão, seja igual a 32, e a quantidade de filtros nos últimos dois blocos de camadas de convolução seja igual a 64. Esses valores foram definidos empiricamente.

Figura 49 – Exemplo de caso de menor precisão na segmentação com o segundo método proposto. A segmentação proposta é destacada em amarelo e a marcação do especialista é delineada em vermelho.

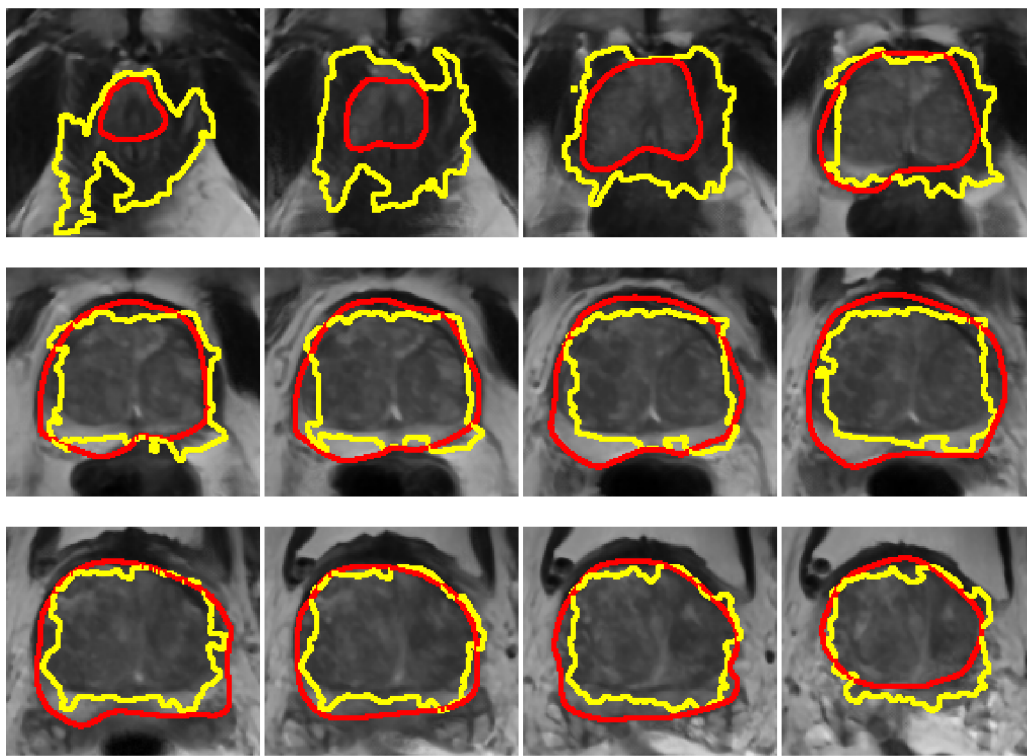


Tabela 21 – Parâmetros definidos para o algoritmo PSO em conjunto com a técnica CNN para otimização dos tipos de conexão nas camadas de convolução.

Parâmetro	Valor
Tamanho do enxame	5
Número de iterações	5
Constante de inércia	0,7
Parâmetro cognitivo	2
Parâmetro social	2

A Tabela 22 apresenta os resultados obtidos nos conjuntos de validação e teste na etapa de classificação dos *superpixels* para a partícula representada por *Gbest* no enxame final com o terceiro método proposto. Os resultados incluem a sensibilidade (SEN) média, especificidade (SPE) média e acurácia (ACC) média. A partícula *Gbest* consiste em todas coordenadas iguais a 2, ou seja, todos os blocos de convolução apresentaram o tipo de conexão densa, ilustrada na Figura 38 (c). O tempo de execução total da otimização dos tipos de conexões nos blocos de convolução foi de aproximadamente 40 horas.

Após o treinamento da técnica CNN com o algoritmo PSO, a camada completamente conectada foi substituída pelo algoritmo XGBoost para a classificação dos *superpixels*. O

Tabela 22 – Resultados obtidos pela partícula *Gbest* com o terceiro método proposto nos conjuntos de validação e teste.

Conjunto	<i>Superpixels</i>	SEN (%)	SPE (%)	ACC (%)
Validação	4.852	99,98	99,42	99,91
Teste	15.698	95,70	94,27	95,43

treinamento do XGBoost utilizou a mesma configuração empregada no segundo método. A Tabela 23 apresenta os resultados obtidos no conjunto de teste utilizando as duas combinações. A fase de treinamento do algoritmo XGBoost com as características extraídas da técnica CNN levou cerca de 1 hora.

Tabela 23 – Resultados obtidos no conjunto de teste utilizando a rede completamente conectada e o algoritmo XGBoost.

Combinação	SEN (%)	SPE (%)	ACC (%)
CNN com a rede completamente conectada	95,70	94,27	95,43
CNN com o XGBoost	96,24	93,55	95,73

A Tabela 24 apresenta os resultados obtidos na etapa de segmentação da próstata em imagens de RM no conjunto de teste usando o terceiro método proposto. Semelhante aos demais métodos, todas as imagens foram submetidas a etapa de refinamento da segmentação para a correção das possíveis falhas na segmentação da próstata. Os resultados incluem o coeficiente de similaridade Dice (DSC), volume relativo da diferença (RVD), similaridade volumétrica (VS), distância média da superfície (ASD) e a distância de Hausdorff (HD) para as imagens de RM individualmente, e por fim, a média e o desvio padrão de todas as métricas de desempenho. Esses resultados são calculados baseados nos *voxels*.

Os resultados obtidos, apresentados na Tabela 24, demonstram o desempenho satisfatório do terceiro método proposto para a segmentação da próstata. O método obteve um DSC médio de 87,65% com um desvio padrão de 2,43%, DSC mínimo de 84,36% e um DSC máximo de 92,14%. Além disso, o método apresentou RVD médio de 3,18%, VS médio de 0,96, ASD médio de 0,88 mm, e por fim, HD médio de 13,51 mm.

5.4.3.1 Estudo de caso

A Figura 50 ilustra um caso de maior precisão obtido pelo terceiro método proposto no conjunto de teste, uma vez que a superfície final da próstata ficou semelhante a marcação

Tabela 24 – Resultados da segmentação da próstata no conjunto de teste com o terceiro método proposto.

Exame	DSC (%)	RVD (%)	VS	ASD (mm)	HD (mm)
P12-Case23	92,14	2,03	0,98	0,85	12,68
P12-Case26	87,03	4,28	0,97	0,89	13,03
P12-Case27	88,40	-1,25	0,99	0,64	12,64
P12-Case28	88,09	1,03	0,99	0,74	13,60
P12-Case29	89,50	9,49	0,95	0,88	12,20
P12-Case30	85,80	14,47	0,93	1,00	15,32
P12-Case33	85,56	20,61	0,90	1,19	14,59
P3T-Case13	86,08	-11,09	0,94	0,70	14,24
P3T-Case17	90,94	0,88	0,99	0,95	16,03
P3T-Case26	86,14	-8,64	0,95	0,87	12,08
P3T-Case28	84,36	3,11	0,98	0,94	12,16
Média	87,65	3,18	0,96	0,88	13,51
Desv. Pad.	2,43	9,20	0,03	0,15	1,36

do especialista. Nesta imagem de RM, as métricas de desempenho foram: DSC de 92,14%, RVD de 2,03%, VS de 0,98, ASD de 0,85 mm, e HD de 12,68 mm. A superfície final da próstata está destacada em azul e a marcação do especialista é delineada em vermelho.

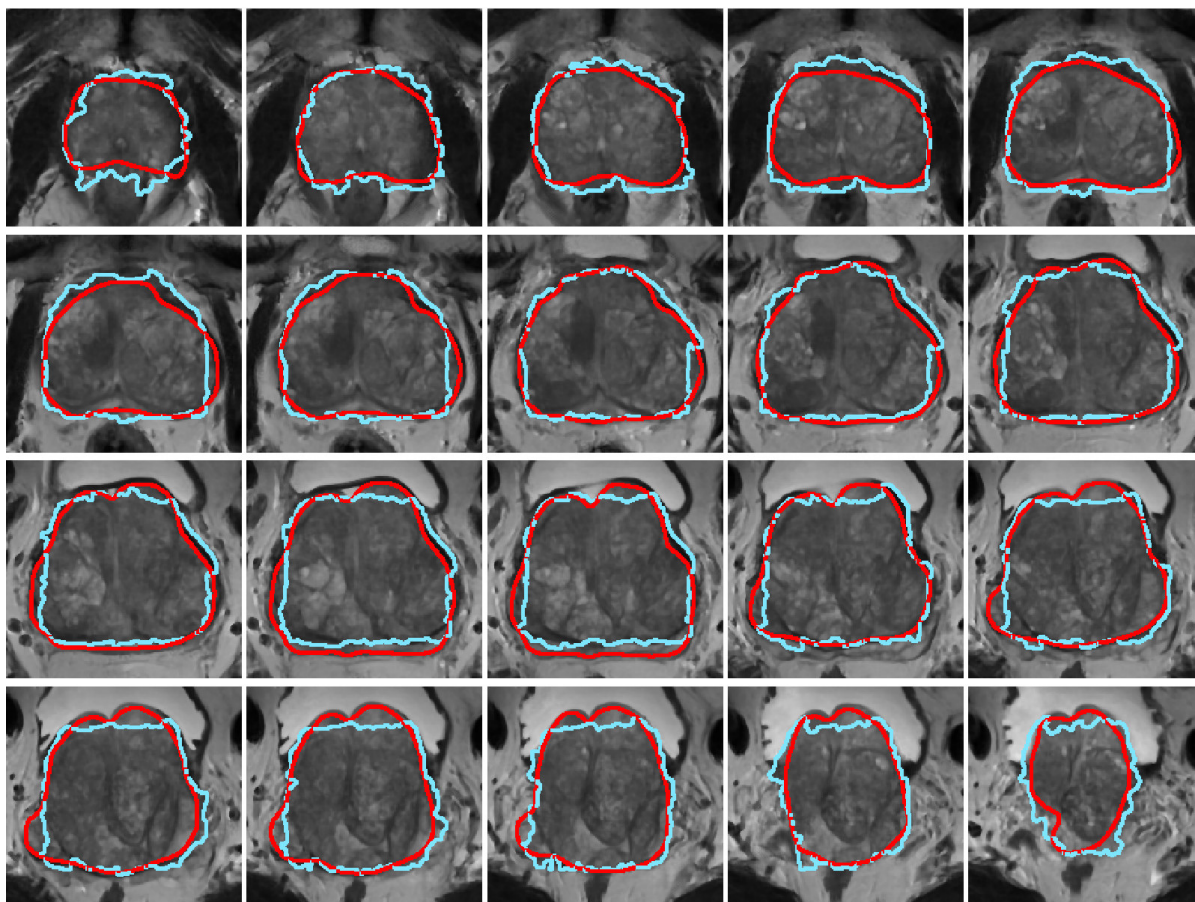
Todavia, a Figura 51 exibe um caso de menor precisão obtido pelo terceiro método proposto no conjunto de teste, pois a superfície final da próstata divergiu da marcação do especialista. As métricas de desempenho foram: DSC de 84,36%, RVD de 3,11%, VS de 0,98, ASD de 0,94 mm, e HD de 12,16 mm. A superfície final da próstata é destacada em azul e a marcação do especialista é delineada em vermelho.

5.5 Comparação entre os métodos propostos

Esta seção apresenta uma comparação entre os métodos propostos baseados em *superpixels* para a segmentação automática da próstata em imagens de RM 3D. A comparação dos métodos foi baseada nas métricas de desempenho e na complexidade da etapa de classificação dos *superpixels*, ou seja, na etapa em que os métodos divergem.

Na comparação das métricas de desempenho, os resultados obtidos pelo primeiro método, descrito na Seção 5.4.1, foram superiores aos resultados alcançados pelos demais métodos nas métricas DSC e RVD, por outro lado, o terceiro método, detalhado na Seção 5.4.3, apresentou resultados superiores nas métricas de contorno, ASD e HD. Já

Figura 50 – Exemplo de caso de maior precisão na segmentação com o terceiro método proposto. A segmentação proposta é destacada em azul e a marcação do especialista é delineada em vermelho.



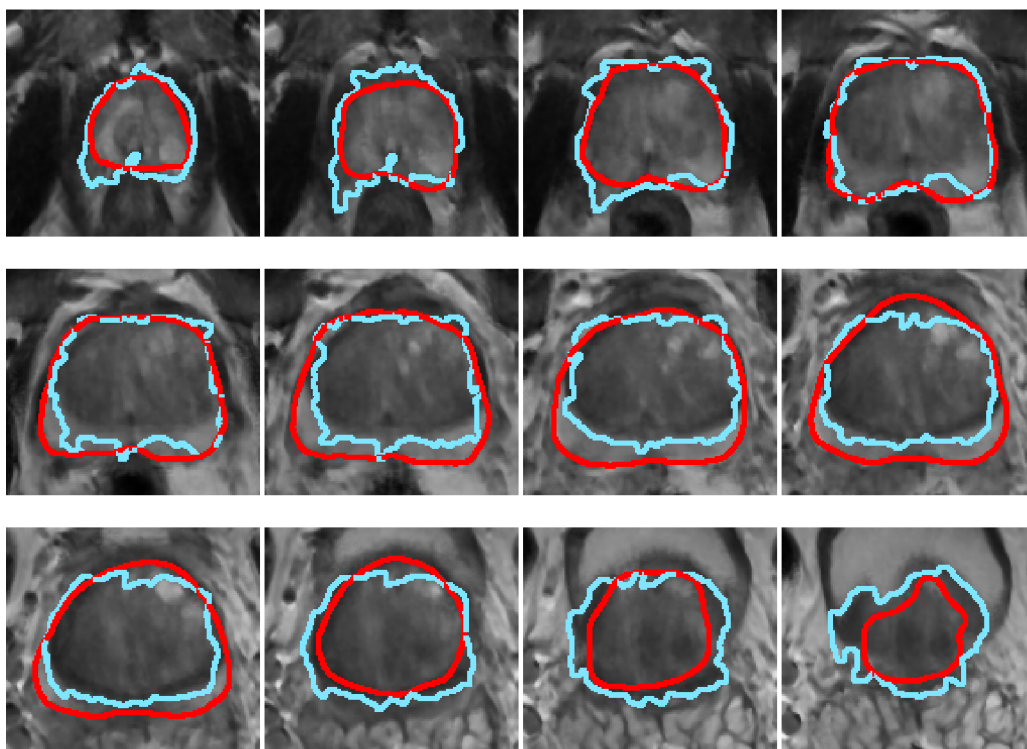
o segundo método, apresentado na Seção 5.4.2, obteve resultados inferiores aos demais métodos, igualando-os apenas na métrica VS. A Tabela 25 demonstra os resultados obtidos por todos os métodos no mesmo conjunto de teste para proporcionar uma comparação mais fidedigna na análise.

Tabela 25 – Resultados na etapa de segmentação da próstata no conjunto de teste com todos os métodos propostos.

Método	DSC (%)	RVD (%)	VS	ASD (mm)	HD (mm)
Primeiro método	$87,67 \pm 2,58$	$2,83 \pm 8,65$	$0,96 \pm 0,02$	$0,89 \pm 0,15$	$13,65 \pm 1,68$
Segundo método	$85,64 \pm 2,98$	$7,68 \pm 8,86$	$0,96 \pm 0,03$	$1,22 \pm 0,37$	$15,13 \pm 2,99$
Terceiro método	$87,65 \pm 2,43$	$3,18 \pm 9,20$	$0,96 \pm 0,03$	$0,88 \pm 0,15$	$13,51 \pm 1,36$

A Figura 52 apresenta um caso de sucesso na segmentação em todos os métodos propostos. A segmentação do primeiro método está destacada em verde, a segmentação do segundo método está apresentada em amarelo, a segmentação do terceiro método está realçada em azul e a marcação do especialista está delineada em vermelho. Percebe-se

Figura 51 – Exemplo de caso de menor precisão na segmentação com o terceiro método proposto. A segmentação proposta é destacada em azul e a marcação do especialista é delineada em vermelho.



que na maioria das fatias intermediárias os métodos obtiveram resultados similares na segmentação, divergindo apenas nas fatias das extremidades do exame, ou seja, região do ápice e região da base da próstata.

Na comparação da complexidade dos métodos, o treinamento do primeiro método demorou aproximadamente 70 minutos enquanto o treinamento do segundo método levou cerca de 1 minuto e o treinamento do terceiro método durou cerca de 100 minutos. Por outro lado, a predição do conjunto de teste durou cerca de 20 minutos no primeiro método com 1,8 minutos por exame, aproximadamente 140 minutos no segundo método com 12,7 minutos por exame e 30 minutos no terceiro método com 2,7 minutos por exame, como descrito na Tabela 26. O maior tempo no treinamento do terceiro método deve-se a presença das conexões densas que concatenam as entradas das camadas anteriores como informações adicionais no treinamento. Já o maior tempo na predição do segundo método é por conta da etapa de extração de características que calcula 24 índices para os *superpixels* da imagem de RM e do atlas probabilístico.

Em resumo, o primeiro e o terceiro método apresentaram resultados similares na segmentação da próstata, sendo eles superiores aos resultados obtidos no segundo método.

Figura 52 – Exemplo de caso de sucesso na segmentação em todos os métodos propostos. A segmentação do primeiro método é destacada em verde, a segmentação do segundo método é apresentada em amarelo, a segmentação do terceiro método está realçada em azul e a marcação do especialista é delineada em vermelho.

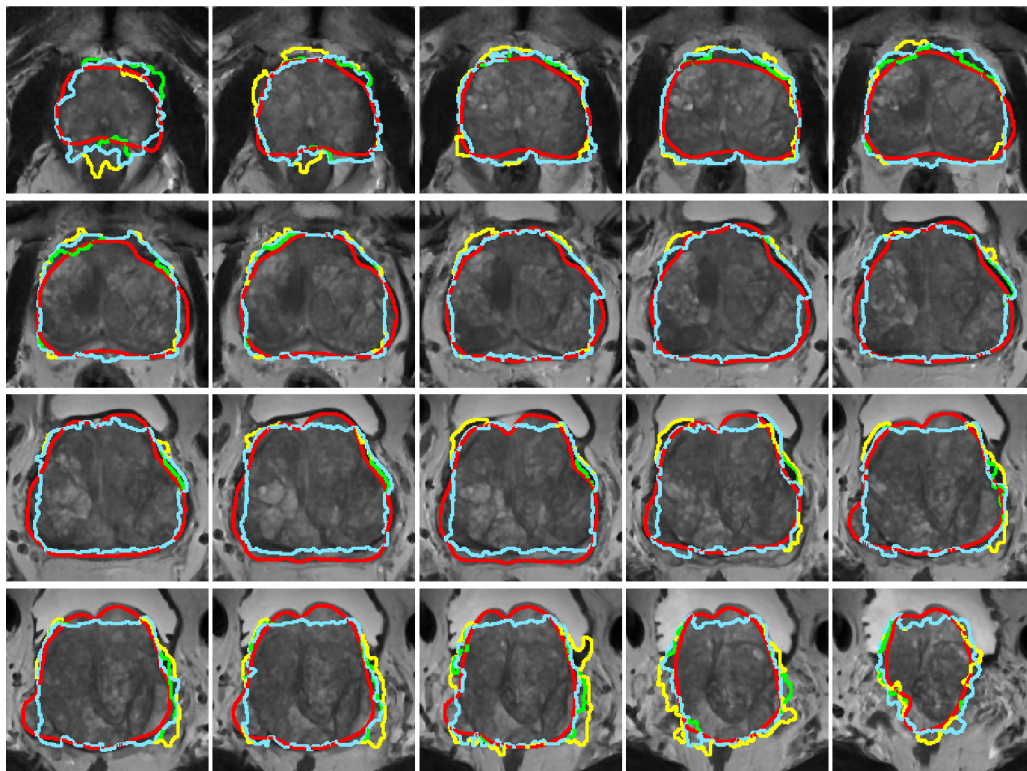


Tabela 26 – Complexidade de todos os métodos propostos.

Método	Treinamento	Predição
Primeiro método	70 minutos	20 minutos
Segundo método	1 minuto	140 minutos
Terceiro método	100 minutos	30 minutos

Isso é devido a CNN analisar as características das imagens de forma hierárquica e não se restringir apenas a análise de textura. No entanto, baseado na Tabela 25, o terceiro método apresenta-se ligeiramente melhor que o primeiro, pois indica um desvio padrão menor nas principais métricas de avaliação DSC e HD, comumente utilizadas na literatura. Outro fator que corrobora com o melhor desempenho do terceiro método é a sua capacidade em classificar corretamente os *superpixels* de próstata com 96,24% de sensibilidade comparado com os 95,99% e 95,81% de sensibilidade do primeiro e segundo método, respectivamente.

5.6 Comparação com outras técnicas de segmentação

Além dos métodos propostos para a segmentação da próstata em imagens de RM 3D, foram implementadas técnicas comumente aplicadas na tarefa de segmentação de imagens médicas. Neste trabalho, as redes completamente convolucionais U-Net (RONNEBERGER; FISCHER; BROX, 2015) e LinkNet (CHAURASIA; CULURCIELLO, 2017) foram aplicadas na imagem inteira, fatia por fatia, usando os mesmos conjuntos de treinamento, validação e teste para uma comparação mais justa com os métodos propostos.

A Tabela 27 apresenta o DSC médio obtido no conjunto de teste usando as técnicas implementadas e os métodos propostos. Baseado na Tabela 27, todos os métodos obtiveram resultados superiores a U-Net e a LinkNet. A análise por *superpixels* da imagem de RM e do atlas probabilístico correspondente pode explicar os resultados superiores dos métodos propostos, visto que gera uma maior quantidade de amostras para o treinamento e validação dos classificadores. Além disso, todos os métodos propostos dispuseram da otimização dos hiperparâmetros dos classificadores usando o algoritmo PSO.

Tabela 27 – Resultados obtidos no conjunto de teste usando as técnicas implementadas e os métodos propostos.

Técnica	DSC (%)
U-Net 2D	74,31
LinkNet	67,92
Primeiro método	87,67
Segundo método	85,64
Terceiro método	87,65

5.7 Comparação com os trabalhos relacionados

A comparação com a literatura na área é difícil, uma vez que nenhum dos trabalhos relacionados citados nesta tese forneceram as imagens de RM usadas nos conjuntos de treinamento, validação e teste. A única informação fornecida foi a base de imagens utilizada. Diante disso, tornou-se inviável realizar uma avaliação rigorosa dos métodos propostos em relação aos trabalhos relacionados. Nosso objetivo com a Tabela 28 é fornecer uma visão geral (base de imagens, tipo da metodologia e resultados) dos trabalhos relacionados e

do nosso trabalho. A métrica DSC foi escolhida para avaliar o desempenho dos trabalhos citados, uma vez que é a única métrica em comum presente em todos os trabalhos.

Analisando os trabalhos relacionados, os métodos propostos apresentaram resultados superiores a alguns trabalhos citados (LI et al., 2013; STOJANOV; KOCESKI, 2014; TIAN; LIU; FEI, 2015; AL-QUNAIEER; TIZHOOSH; RAHNAMAYAN, 2014; GELDER; HUISMAN, 2018; JENSEN et al., 2019). No entanto, apenas Li et al. (2013) usou a base de imagens *Prostate 3T*. Além disso, os três métodos propostos não impuseram limitações no uso do atlas probabilístico, considerando o fato de que os métodos propostos geram atlas probabilísticos de qualquer dimensão a partir de um atlas inicial. Os trabalhos de Korsager et al. (2015), Tian et al. (2016), Yang, Zhan e Xie (2016), Yan et al. (2016), Tian et al. (2017), Yang et al. (2017), Guo, Gao e Shen (2017), Jia et al. (2017), Yu et al. (2017), Cheng et al. (2017), Wang et al. (2019), Chen et al. (2019), Jia et al. (2019), Liu et al. (2020), Comelli et al. (2021) apresentaram valores de DSC superiores aos nossos métodos. No entanto, a maioria desses trabalhos usaram bases de imagens privadas. Geralmente, essas bases de imagens possuem exames de RM adquiridos usando o mesmo equipamento com protocolos de aquisição bem definidos, portanto, todas as imagens apresentam padrão de textura semelhante. Além disso, os trabalhos de Tian et al. (2016), Yang, Zhan e Xie (2016), Tian et al. (2017), Yang et al. (2017) requerem intervenção humana para alcançar a segmentação final da próstata. A análise dos trabalhos publicados revelou que os métodos propostos obtiveram resultados comparáveis aos trabalhos recentemente publicados, como mostra a Tabela 28, ainda que utilizando duas bases de imagens completamente diferentes.

Tabela 28 – Comparação com os trabalhos relacionados com referência à segmentação da próstata em imagens de RM.

	Autores	Base de RM (Amostra)	Tipo	DSC (%)
Atlas probabilístico	Li et al. (2013)	<i>Prostate 3T</i> (30)	Automático	80,7
	Stojanov e Koceski (2014)	<i>Prostate MR Image</i> (30)	Automático	81
	Tian, Liu e Fei (2015)	Privada (12)	Automático	83,4
	Korsager et al. (2015)	Privada (67)	Automático	88
	Reis (2019)	<i>Prostate 3T</i> <i>PROMISE12</i> (108) <i>Fused-MRI-Pathology</i>	Automático	91,26
Contorno ativo	Al-Qunaieer, Tizhoosh e Rahnamayan (2014)	<i>Prostate MR Image</i> (100)	Semi-automático	80
	Tian et al. (2016)	Privada (43)	Semi-automático	89,3
	Yang, Zhan e Xie (2016)	Privada (72)	Semi-automático	91,45
	Tian et al. (2017)	Privada (12)	Semi-automático	88,9
	Yang et al. (2017)	Privada (-)	Semi-automático	92,05
Aprendizagem profunda	Yan et al. (2016)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	89
	Guo, Gao e Shen (2017)	Privada (66)	Automático	87,8
	Jia et al. (2017)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	88
	Yu et al. (2017)	<i>PROMISE12</i> (80)	Automático	89,43
	Cheng et al. (2017)	Privada (120)	Automático	89,77
	Karimi et al. (2018)	<i>PROMISE12</i> (75)	Automático	88
	Gelder e Huisman (2018)	Privada (64)	Automático	76
	Jia et al. (2018)	<i>PROMISE12</i> (100)	Automático	91
	Jensen et al. (2019)	Privada (40)	Automático	74,3
	Pan et al. (2019)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	88,6
	Wang et al. (2019)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	88
	Chen et al. (2019)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	88,12
	Jia et al. (2019)	<i>PROMISE12</i> (50)	Automático	90,6
	Liu et al. (2020)	Privada (90)	Automático	91,6
	Comelli et al. (2021)	Privada (85)	Automático	90,8
	Primeiro método	<i>Prostate 3T</i> e <i>PROMISE12</i> (56)	Automático	87,67
	Segundo método	<i>Prostate 3T</i> e <i>PROMISE12</i> (56)	Automático	85,64
	Terceiro método	<i>Prostate 3T</i> e <i>PROMISE12</i> (56)	Automático	87,65

6 Conclusão

O câncer de próstata é a segunda principal causa de morte por câncer no mundo inteiro. A detecção precoce do câncer é uma estratégia para diagnosticar o tumor em fase inicial e, assim, possibilitar uma melhor chance de tratamento. Para uma detecção precisa, é necessário determinar corretamente o volume da próstata por meio de exames de RM. No entanto, a segmentação manual da próstata é extremamente demorada e propensa à variabilidade entre diferentes especialistas. Isso evidencia a importância do desenvolvimento de métodos com o objetivo de segmentar automaticamente a próstata.

Esta tese propôs três métodos computacionais automáticos para a segmentação da próstata baseados em *superpixels* em imagens de RM 3D. O primeiro método descreveu uma abordagem baseada na técnica CNN em conjunto com o algoritmo PSO, resultando as aplicações em um DSC médio de 87,67% com desvio padrão de 2,58%. O segundo método apresentou uma abordagem convencional baseada nos índices filogenéticos, o algoritmo XGBoost e o algoritmo PSO, alcançando um DSC médio de 85,64% com desvio padrão de 2,98%. Por fim, o terceiro método descreveu uma abordagem híbrida usando a técnica CNN e o algoritmo XGBoost, obtendo um DSC médio de 87,65% com desvio padrão de 2,43%. Todos os métodos foram avaliados em duas bases de imagens de RM públicas, a *Prostate 3T* e a *PROMISE12*.

As aplicações do primeiro e o terceiro método apresentaram resultados similares na segmentação da próstata, sendo eles superiores aos resultados obtidos no segundo método. As técnicas de aprendizagem profunda apresentam um poder de generalização maior comparadas as técnicas convencionais, uma vez que engloba a fase de extração e classificação das características implícitas na própria arquitetura, analisando-as de forma hierárquica. No entanto, o segundo método, ainda assim, obteve um DSC próximo aos demais métodos propostos, demonstrando que a análise por textura usando apenas os índices filogenéticos apresentam resultados satisfatórios na classificação dos *superpixels*.

Os resultados obtidos demonstraram o potencial dos métodos propostos comparável aos trabalhos recentemente publicados na literatura. Além disso, o algoritmo PSO eliminou o requisito da etapa manual de busca de hiperparâmetros ótimos em várias etapas dos métodos. Embora as bases de imagens usadas neste trabalho assegurem uma alta diversidade na variação da anatomia da próstata, experimentos adicionais com outras bases de imagens são necessários para aprimorar os métodos propostos e torná-los mais robustos e precisos.

6.1 Comprovação das hipóteses

Diante dos resultados obtidos nos métodos propostos, as hipóteses levantadas a cerca da problemática abordada nesta tese foram comprovadas.

- A delimitação da região da próstata permite um melhor desempenho das etapas posteriores.

O bom resultado obtido pela rede convolucional YOLO na etapa de detecção da próstata, apresentada na Seção 5.2, permitiu uma redução no tempo de execução de todas as etapas posteriores, visto que essa etapa conseguiu delimitar bem a região da próstata, descartando assim os demais órgãos.

- A informação espacial da próstata é um fator importante na segmentação da próstata.

A presença das características extraídas dos *superpixels* do atlas probabilístico na listagem das características mais importantes no modelo criado pelo algoritmo XGBoost, mostrada na Tabela 19.

- A aplicação dos índices de diversidade como descritores de textura contribui na distinção dos tecidos de próstata e não próstata.

Acurácia acima de 93% na classificação dos *superpixels* do segundo método, apresentado na Seção 5.4.2, usando os índices de diversidade filogenética com os resultados descritos na Tabela 18.

- A otimização dos hiperparâmetros das técnicas de aprendizado de máquina garante resultados superiores comparados aos hiperparâmetros achados na literatura.

Resultados superiores em todas as subetapas de classificação dos *superpixels*, exemplo do primeiro método demonstrado na Tabela 15.

- A combinação de técnicas de aprendizagem profunda com técnicas convencionais apresenta resultados superiores quando aplicadas de forma isolada.

A Tabela 23 apresenta os resultados superiores obtidos pelo terceiro método quando utiliza o algoritmo XGBoost no lugar da camada completamente conectada para a classificação dos *superpixels*.

6.2 Contribuições

Na literatura recente, vários métodos computacionais foram desenvolvidos para a segmentação da próstata, apresentando resultados satisfatórios. Ainda assim, alguns trabalhos publicados apresentam limitações. As principais contribuições desta tese são:

- Detecção da região da próstata usando a rede YOLO para diminuir a região de interesse, reduzindo o desequilíbrio das classes de próstata e não próstata.
- Aplicação do algoritmo PSO em conjunto com o algoritmo IMSLIC para otimizar a etapa de melhoramento na escolha e ordem das técnicas aplicadas.
- Desenvolvimento de um atlas probabilístico adaptável às diferentes dimensões dos exames de RM, incorporando a informação espacial e anatômica da próstata na etapa de segmentação.
- Agrupamento dos *pixels* das imagens de RM e do atlas probabilístico usando a técnica de *superpixels* IMSLIC para reduzir o custo computacional e aumentar a precisão da etapa de segmentação.
- Combinação de duas redes neurais convolucionais paralelas com a mesma camada completamente conectada para extração e classificação das características implícitas dos *superpixels* da imagem de RM e do atlas probabilístico.
- Aplicação da técnica CNN em conjunto com o algoritmo PSO para otimizar os hiperparâmetros na classificação dos *superpixels* de próstata e não próstata.
- Descrição da textura dos *superpixels* de próstata e não próstata usando os índices de diversidade filogenética.
- Aplicação do algoritmo XGBoost em conjunto com o algoritmo PSO para otimizar os hiperparâmetros na classificação dos *superpixels* de próstata e não próstata.
- Desenvolvimento de arquiteturas da técnica CNN com conexões residuais e/ou densas em conjunto com o algoritmo PSO.
- Proposta de um método híbrido baseado na técnica CNN e o algoritmo XGBoost para classificação dos *superpixels* baseado nas características extraídas implicitamente pela CNN.

6.3 Trabalhos Futuros

Diversas melhorias ainda podem ser realizadas nos métodos propostos, apesar dos resultados obtidos serem satisfatórios para a segmentação automática da próstata em imagens de RM 3D, visando incrementar a sua eficiência. Algumas sugestões são apresentadas a seguir:

- Aplicar técnicas de seleção de características após a etapa de extração de características usando os índices filogenéticos para construir um modelo do algoritmo XGBoost apenas com as características mais relevantes.
- Incluir os exames que fazem uso da bobina ERC na avaliação dos métodos propostos para tornar os métodos mais robustos e genéricos.
- Utilizar redes com pesos pré-treinados para acelerar o processo de treinamento dos modelos.
- Melhorar e analisar o impacto da etapa de refinamento da segmentação.
- Analisar os resultados dos métodos propostos em outras bases de imagens de RM 3D.

6.4 Produções Científicas

A Tabela 29 lista os artigos científicos publicados e submetidos desde o início do doutorado com relação a segmentação automática da próstata em imagens de RM 3D, com o qualis avaliado na área de engenharias IV. Além dos trabalhos apresentados na Tabela 29, contribuímos em mais 11 artigos científicos publicados em periódicos e congressos, usando aplicações de processamento de imagens e visão computacional.

Tabela 29 – Artigos publicados e submetidos em relação a segmentação da próstata.

Local	Artigo	Qualis	Status
Periódico	Silva, Giovanni Lucca França da, et al. "Superpixel-based deep convolutional neural networks and active contour model for automatic prostate segmentation on 3D MRI scans." Medical and Biological Engineering and Computing. 2020.	A1	Publicado
Periódico	Silva, Giovanni Lucca França da, et al. "An automatic method for prostate segmentation on 3D MRI scans using local phylogenetic features and XGBoost." Computers in Biology and Medicine. 2020.	A2	Segunda revisão
Periódico	Silva, Giovanni Lucca França da, et al. "Hybrid method based on superpixel for automatic prostate segmentation on 3D MRI scans." Computer Methods and Programs in Biomedicine. 2021.	A1	Revisão
Periódico	Ferreira, Jonnison Lima, et al. "Automatic prostate segmentation methods using probabilistic map, convolutional neural network, and generative adversarial network." Pattern Analysis and Applications. 2021.	A2	Revisão
Congresso	Silva, Giovanni Lucca França da, et al. "Automatic prostate segmentation on 3D MRI scans using convolutional neural networks with residual connections and superpixels." The 27th International Conference on Systems, Signals and Image Processing. 2020.	B1	Publicado
Congresso	França, João Vitor Ferreira, et al. "Taxonomic indexes for automatic prostate segmentation on 3D MRI scans using superpixels and probabilistic atlas." The 27th International Conference on Systems, Signals and Image Processing. 2020.	B1	Publicado
Congresso	Ferreira, Jonnison Lima, et al. "Segmentação automática da próstata em imagens de ressonância magnética utilizando redes neurais convolucionais e mapa probabilístico." 18º Simpósio Brasileiro de Computação Aplicada à Saúde. 2018.	B4	Publicado

Referências

- ACHANTA, R. et al. Slic superpixels compared to state-of-the-art superpixel methods. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, IEEE, v. 34, n. 11, p. 2274–2282, 2012.
- ACS. *American Cancer Society: Key Statistics for Prostate Cancer*. 2020. <https://www.cancer.org/cancer/prostate-cancer/about/key-statistics.html>. Online; acessado em 14 de Janeiro de 2020.
- AL-QUNAIEER, F. S.; TIZHOOSH, H. R.; RAHNAMEYAN, S. Multi-resolution level sets with shape priors: a validation report for 2d segmentation of prostate gland in t2w mr images. *Journal of digital imaging*, Springer, v. 27, n. 6, p. 833–847, 2014.
- ALANIS, A. Y.; ARANA-DANIEL, N.; LOPEZ-FRANCO, C. *Artificial Neural Networks for Engineering Applications*. [S.l.]: Academic Press, 2019.
- ALSABTI, K.; RANKA, S.; SINGH, V. An efficient k-means clustering algorithm. 1997.
- ANAND, P. et al. Cancer is a preventable disease that requires major lifestyle changes. *Pharmaceutical research*, Springer, v. 25, n. 9, p. 2097–2116, 2008.
- BARONI, M. Linguistic generalization and compositionality in modern artificial neural networks. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, The Royal Society, v. 375, n. 1791, p. 20190307, 2020.
- BAXEVANIS, A. D.; OUELLETTE, B. F. F. *Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. Wiley, 2004. ISBN 9780471461012. Disponível em: <http://books.google.com.br/books?id=ghU_-ZaEAdHUC>.
- BHARATH, H. N. et al. Tumor segmentation from multimodal mri using random forest with superpixel and tensor based feature extraction. In: SPRINGER. *International MICCAI Brainlesion Workshop*. [S.l.], 2017. p. 463–473.
- BLOCH, N. et al. Nci-isbi 2013 challenge: automated segmentation of prostate structures. *The Cancer Imaging Archive*, v. 370, 2015.
- BLOSSOM, P. *The Cross-Entropy Method: A Unified Approach to Combinatorial Optimization, Monte-Carlo Simulation, and Machine Learning*. [S.l.]: JSTOR, 2006.
- CAI, X. et al. Individual parameter selection strategy for particle swarm optimization. In: *Particle swarm optimization*. [S.l.]: InTech, 2009.
- CARVALHO, A. O. d. *Métodos para sistemas CAD e CADx de nódulo pulmonar baseada em tomografia computadorizada usando análise de forma e textura*. Tese (Doutorado) — Universidade Federal do Maranhão, Maranhão, 7 2016.
- CHAURASIA, A.; CULURCIELLO, E. Linknet: Exploiting encoder representations for efficient semantic segmentation. In: IEEE. *2017 IEEE Visual Communications and Image Processing (VCIP)*. [S.l.], 2017. p. 1–4.
- CHEN, T.; GUESTIN, C. Xgboost: A scalable tree boosting system. p. 785–794, 2016.
- CHEN, W. et al. Prostate segmentation using 2d bridged u-net. p. 1–7, 2019.

- CHENG, J.-Z. et al. Computer-aided diagnosis with deep learning architecture: Applications to breast lesions in us images and pulmonary nodules in ct scans. *Scientific reports*, Nature Publishing Group, v. 6, 2016.
- CHENG, R. et al. Automatic magnetic resonance prostate segmentation by deep learning with holistically nested networks. *Journal of Medical Imaging*, International Society for Optics and Photonics, v. 4, n. 4, p. 041302, 2017.
- CHOLLET, F. et al. *Keras*. [S.l.]: GitHub, 2015. <https://github.com/fchollet/keras>.
- CLARKE, K.; WARWICK, R. A taxonomic distinctness index and its statistical properties. *Journal of applied ecology*, Wiley Online Library, v. 35, n. 4, p. 523–531, 1998.
- CLARKE, K. R. et al. *Change in marine communities: an approach to statistical analysis and interpretation*. [S.l.]: Primer-E Ltd, 2014.
- COMELLI, A. et al. Deep learning-based methods for prostate segmentation in magnetic resonance imaging. *Applied Sciences*, Multidisciplinary Digital Publishing Institute, v. 11, n. 2, p. 782, 2021.
- COSTA, R. W. de S. et al. Classification of malignant and benign lung nodules using taxonomic diversity index and phylogenetic distance. *Medical & biological engineering & computing*, Springer, v. 56, n. 11, p. 2125–2136, 2018.
- CRUZ, L. B. da et al. Interferometer eye image classification for dry eye categorization using phylogenetic diversity indexes for texture analysis. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, Elsevier, v. 188, p. 105269, 2020.
- DAMIÃO, R. et al. Câncer de próstata. *Revista Hospital Universitário Pedro Ernesto*, v. 14, 2015.
- DENG, J. et al. Imagenet: A large-scale hierarchical image database. In: IEEE. *2009 IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. [S.l.], 2009. p. 248–255.
- DINIZ, J. O. B. et al. Spinal cord detection in planning ct for radiotherapy through adaptive template matching, imslc and convolutional neural networks. *Computer methods and programs in biomedicine*, Elsevier, v. 170, p. 53–67, 2019.
- DURASAMY, S. P.; KAYALVIZHI, R. et al. A new multilevel thresholding method using swarm intelligence algorithm for image segmentation. *Journal of Intelligent Learning Systems and Applications*, Scientific Research Publishing, v. 2, n. 03, p. 126, 2010.
- EBERHART, R. C.; KENNEDY, J. et al. A new optimizer using particle swarm theory. In: NEW YORK, NY. *Proceedings of the sixth international symposium on micro machine and human science*. New York, 1995. v. 1, p. 39–43.
- EBERHART, R. C.; SHI, Y. Comparing inertia weights and constriction factors in particle swarm optimization. In: IEEE. *Evolutionary Computation, 2000. Proceedings of the 2000 Congress on*. [S.l.], 2000. v. 1, p. 84–88.
- FAITH, D. P. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological conservation*, Elsevier, v. 61, n. 1, p. 1–10, 1992.

FERLAY, J. et al. Cancer incidence and mortality worldwide: sources, methods and major patterns in globocan 2012. *International journal of cancer*, Wiley Online Library, v. 136, n. 5, p. 359–386, 2015.

FERNANDES, B. J. T. *Redes neurais com extração implícita de características para reconhecimento de padrões visuais*. Tese (Doutorado) — Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 7 2013.

FERREIRA, A. F. Conceitos gerais do câncer e do tratamento quimioterápico. *Psicooncologia e interdisciplinaridade: uma experiência na educação à distância*. Porto Alegre: Edipucrs, p. 59–72, 2004.

FRIEDMAN, J. H. Greedy function approximation: a gradient boosting machine. *Annals of statistics*, JSTOR, p. 1189–1232, 2001.

GABRIEL, P. H. R.; DELBEM, A. C. B. *Fundamentos de algoritmos evolutivos*. [S.l.]: ICMC-USP, 2008.

GELDER, A.; HUISMAN, H. Autoencoders for multi-label prostate mr segmentation. *arXiv preprint arXiv:1806.08216*, 2018.

GHOSE, S. et al. A survey of prostate segmentation methodologies in ultrasound, magnetic resonance and computed tomography images. *Computer methods and programs in biomedicine*, Elsevier, v. 108, n. 1, p. 262–287, 2012.

GLOROT, X.; BENGIO, Y. Understanding the difficulty of training deep feedforward neural networks. In: *Proceedings of the thirteenth international conference on artificial intelligence and statistics*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 249–256.

GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. C. *Processamento digital de imagens*. [S.l.]: Pearson Educación, 2009.

GUO, Y.; GAO, Y.; SHEN, D. Deformable mr prostate segmentation via deep feature learning and sparse patch matching. In: *Deep Learning for Medical Image Analysis*. [S.l.]: Elsevier, 2017. p. 197–222.

HAFEMANN, L. G. *An analysis of deep neural networks for texture classification*. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2014.

HAGEI, M. C. F. N. S.; IWASAKIII, M. Imagem por ressonância magnética: princípios básicos. *Ciência Rural*, SciELO Brasil, v. 39, n. 4, p. 1287–1295, 2009.

HARALICK, R. M.; SHANMUGAM, K.; DINSTEN, I. H. Textural features for image classification. *IEEE Transactions on systems, man, and cybernetics*, Ieee, n. 6, p. 610–621, 1973.

HAYKIN, S. S. *Redes neurais: princípios e prática*. 2. ed. Porto Alegre: Bookman, 2000. ISBN 8573077182.

HERRMANN, M. D. et al. Implementing the dicom standard for digital pathology. *Journal of pathology informatics*, Wolters Kluwer–Medknow Publications, v. 9, 2018.

HUA, K.-L. et al. Computer-aided classification of lung nodules on computed tomography images via deep learning technique. *OncoTargets and therapy*, Dove Press, v. 8, 2015.

HUBEL, D. H.; WIESEL, T. N. Early exploration of the visual cortex. *Neuron*, Elsevier, v. 20, n. 3, p. 401–412, 1998.

HUNG, A. Y.; LEVY, L.; KUBAN, D. A. Stage t1c prostate cancer: a heterogeneous category with widely varying prognosis. *The Cancer Journal*, LWW, v. 8, n. 6, p. 440–444, 2002.

IGT, N. C. for T. G. I. *Prostate MR Image Database*. 2008. <http://prostatemrimagedatabase.com/>. Accessed: 2017-08-19.

INCA. *ABC do câncer: abordagens básicas para o controle do câncer*. 2. ed. Rio de Janeiro, Brasil: Ministério da Saúde, 2019.

INCA. *Incidência de Câncer no Brasil*. Rio de Janeiro - RJ, Brasil: Instituto Nacional de Câncer, 2019. <http://www1.inca.gov.br/estimativa/2018/>. Online; acessado em 20 de Março de 2019.

INCA. *O que é câncer*. Rio de Janeiro - RJ, Brasil: Instituto Nacional de Câncer, 2019. http://www1.inca.gov.br/conteudo_view.asp?id=322. Online; acessado em 14 de Março de 2019.

INCA. *Tipo de câncer: próstata*. Rio de Janeiro - RJ, Brasil: Instituto Nacional de Câncer, 2020. <http://www2.inca.gov.br/wps/wcm/connect/tiposdecancer/site/home/prostata>. Online; acessado em 27 de Agosto de 2020.

IZSÁK, J.; PAPP, L. A link between ecological diversity indices and measures of biodiversity. *Ecological Modelling*, Elsevier, v. 130, n. 1-3, p. 151–156, 2000.

IZSÁKI, J.; PAPP, L. Application of the quadratic entropy indices for diversity studies of drosophilid assemblages. *Environmental and Ecological Statistics*, Springer, v. 2, n. 3, p. 213–224, 1995.

JENSEN, C. et al. Prostate zonal segmentation in 1.5 t and 3t t2w mri using a convolutional neural network. *Journal of Medical Imaging*, International Society for Optics and Photonics, v. 6, n. 1, p. 014501, 2019.

JIA, H. et al. Prostate segmentation in mr images using ensemble deep convolutional neural networks. In: IEEE. *Biomedical Imaging (ISBI 2017), 2017 IEEE 14th International Symposium on*. [S.l.], 2017. p. 762–765.

JIA, H. et al. Atlas registration and ensemble deep convolutional neural network-based prostate segmentation using magnetic resonance imaging. *Neurocomputing*, Elsevier, v. 275, p. 1358–1369, 2018.

JIA, H. et al. 3d apa-net: 3d adversarial pyramid anisotropic convolutional network for prostate segmentation in mr images. *IEEE transactions on medical imaging*, IEEE, 2019.

JR, D. W. H.; LEMESHOW, S.; STURDIVANT, R. X. *Applied logistic regression*. [S.l.]: John Wiley & Sons, 2013. v. 398.

JR, W. B.; HORII, S. C. Introduction to the acr-nema dicom standard. *Radiographics*, v. 12, n. 2, p. 345–355, 1992.

- JUNTU, J. et al. Bias field correction for mri images. In: *Computer Recognition Systems*. [S.l.]: Springer, 2005. p. 543–551.
- KANG, K.; WANG, X. Fully convolutional neural networks for crowd segmentation. *arXiv preprint arXiv:1411.4464*, 11 2014.
- KARIMI, D. et al. Prostate segmentation in mri using a convolutional neural network architecture and training strategy based on statistical shape models. *International journal of computer assisted radiology and surgery*, Springer, v. 13, n. 8, p. 1211–1219, 2018.
- KINGMA, D. P.; BA, J. Adam: A method for stochastic optimization. *arXiv preprint arXiv:1412.6980*, 2014.
- KORSAGER, A. S. et al. The use of atlas registration and graph cuts for prostate segmentation in magnetic resonance images. *Medical physics*, Wiley Online Library, v. 42, n. 4, p. 1614–1624, 2015.
- KRIZHEVSKY, A.; SUTSKEVER, I.; HINTON, G. E. Imagenet classification with deep convolutional neural networks. In: *Advances in neural information processing systems*. [S.l.: s.n.], 2012. p. 1097–1105.
- LAARHOVEN, T. V. L2 regularization versus batch and weight normalization. *arXiv preprint arXiv:1706.05350*, 2017.
- LECUN, Y.; BENGIO, Y.; HINTON, G. Deep learning. *Nature*, Nature Publishing Group, v. 521, n. 7553, p. 436–444, 2015.
- LECUN, Y. et al. Gradient-based learning applied to document recognition. *Proceedings of the IEEE*, IEEE, v. 86, n. 11, p. 2278–2324, 1998.
- LECUN, Y. et al. Convolutional networks and applications in vision. In: *International Symposium on Circuits and Systems: Nano-Bio Circuit Fabrics and Systems (ISCAS)*. Paris, France: IEEE, 2010. p. 253–256.
- LEE, C. H.; AKIN-OLUGBADE, O.; KIRSCHENBAUM, A. Overview of prostate anatomy, histology, and pathology. *Endocrinology and Metabolism Clinics*, Elsevier, v. 40, n. 3, p. 565–575, 2011.
- LI, A. et al. Automated segmentation of prostate mr images using prior knowledge enhanced random walker. In: IEEE. *International Conference on Digital Image Computing: Techniques and Applications (DICTA)*. [S.l.], 2013. p. 1–7.
- LITJENS, G.; FUTTERER, J.; HUISMAN, H. *Data From Prostate-3T: The Cancer Imaging Archive*. 2015. <http://doi.org/10.7937/K9/TCIA.2015.QJTV5IL5>. Accessed: 2018-01-15.
- LITJENS, G. et al. Evaluation of prostate segmentation algorithms for mri: the promise12 challenge. *Medical image analysis*, Elsevier, v. 18, n. 2, p. 359–373, 2014.
- LIU, J. et al. Radiomics analysis of dynamic contrast-enhanced magnetic resonance imaging for the prediction of sentinel lymph node metastasis in breast cancer. *Frontiers in Oncology*, Frontiers, v. 9, p. 980, 2019.

- LIU, Q. et al. Ms-net: Multi-site network for improving prostate segmentation with heterogeneous mri data. *IEEE transactions on medical imaging*, IEEE, v. 39, n. 9, p. 2713–2724, 2020.
- LIU, Y.-J. et al. Intrinsic manifold slic: a simple and efficient method for computing content-sensitive superpixels. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, IEEE, v. 40, n. 3, p. 653–666, 2018.
- LLOYD, S. Least squares quantization in pcm. *IEEE transactions on information theory*, IEEE, v. 28, n. 2, p. 129–137, 1982.
- LU, H. et al. Accelerating gradient boosting machines. In: *International Conference on Artificial Intelligence and Statistics*. [S.l.: s.n.], 2020. p. 516–526.
- MAGURRAN, A. E. Species abundance distributions: pattern or process? *Functional Ecology*, Wiley Online Library, v. 19, n. 1, p. 177–181, 2005.
- MALUF, F.; BUZAID, A. C.; VARELLA, D. *Tipos de câncer: Câncer de próstata*. [S.l.]: Instituto Vencer o Câncer, 2018. <https://www.vencerocancer.org.br/tipos-de-cancer/cancer-de-prostata-tipos-de-cancer/o-que-e-9/>. Online; acessado em 14 de Março de 2019.
- MATHERON, G.; SERRA, J. The birth of mathematical morphology. p. 1–16, 2002.
- MAZZOLA, A. A. Ressonância magnética: princípios de formação da imagem e aplicações em imagem funcional. *Revista Brasileira de Física Médica*, v. 3, n. 1, p. 117–129, 2009.
- MCCULLOCH, W. S.; PITTS, W. A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity. *The bulletin of mathematical biophysics*, Springer, v. 5, n. 4, p. 115–133, 1943.
- MCNEAL, J. E. The zonal anatomy of the prostate. *The prostate*, Wiley Online Library, v. 2, n. 1, p. 35–49, 1981.
- MOHLER, J. L. et al. Prostate cancer, version 1.2016. *Journal of the National Comprehensive Cancer Network*, Harborside Press, LLC, v. 14, n. 1, p. 19–30, 2016.
- NCI. *Defining Cancer*. Bethesda - MD, United States: National Cancer Institute, 2019. <https://www.cancer.gov/about-cancer/understanding/what-is-cancer>. Online; acessado em 12 de Março de 2019.
- NISHIO, M. et al. Computer-aided diagnosis of lung nodule using gradient tree boosting and bayesian optimization. *PloS one*, Public Library of Science, v. 13, n. 4, 2018.
- PAN, H. et al. Prostate segmentation from 3d mri using a two-stage model and variable-input based uncertainty measure. *arXiv preprint arXiv:1903.02500*, 2019.
- PEDRINI, H.; SCHWARTZ, W. R. *Análise de imagens digitais: princípios, algoritmos e aplicações*. [S.l.]: Thomson Learning, 2008.
- PERONA, P.; MALIK, J. Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion. *IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence*, IEEE, v. 12, n. 7, p. 629–639, 1990.

- PEYRE, G.; COHEN, L. Surface segmentation using geodesic centroidal tessellation. In: IEEE. *Proceedings. 2nd International Symposium on 3D Data Processing, Visualization and Transmission, 2004. 3DPVT 2004*. [S.l.], 2004. p. 995–1002.
- PHAM, B. T. et al. A novel artificial intelligence approach based on multi-layer perceptron neural network and biogeography-based optimization for predicting coefficient of consolidation of soil. *Catena*, Elsevier, v. 173, p. 302–311, 2019.
- PIANKA, E. R. *Evolutionary ecology*. [S.l.]: Eric R. Pianka, 2011.
- RAO, C. R. Diversity and dissimilarity coefficients: a unified approach. *Theoretical population biology*, Elsevier, v. 21, n. 1, p. 24–43, 1982.
- REDMON, J. et al. You only look once: Unified, real-time object detection. p. 779–788, 2016.
- REDMON, J.; FARHADI, A. Yolov3: An incremental improvement. *Computing Research Repository (CoRR)*, 2018.
- REIS, A. B. S. *Metodologia computacional para a segmentação da próstata e classificação de lesões em imagens de ressonância magnética utilizando o modelo de Ising*. Tese (Doutorado) — Universidade Federal do Maranhão, Maranhão, 3 2019.
- REN, X.; MALIK, J. Learning a classification model for segmentation. In: IEEE. *null*. [S.l.], 2003. p. 10.
- RIBEIRO, H. S. Ressonância magnética e seu funcionamento mecânico para gerar imagens. Fundação de Ensino e Pesquisa do Sul de Minas, 2018.
- RODRIGUES, A. S.; GASTON, K. J. Maximising phylogenetic diversity in the selection of networks of conservation areas. *Biological Conservation*, Elsevier, v. 105, n. 1, p. 103–111, 2002.
- RONNEBERGER, O.; FISCHER, P.; BROX, T. U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. In: SPRINGER. *International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention*. [S.l.], 2015. p. 234–241.
- RUMELHART, D. E. et al. *Parallel distributed processing: Foundations*. United States: Bradford Book, 1988. v. 1. ISBN 9780262680530.
- SCHWEIGER, O. et al. A comparative test of phylogenetic diversity indices. *Oecologia*, Springer, v. 157, n. 3, p. 485–495, 2008.
- SECHREST, W. et al. Hotspots and the conservation of evolutionary history. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, National Acad Sciences, v. 99, n. 4, p. 2067–2071, 2002.
- SEER. *Cancer Stat Facts: Prostate Cancer*. 2020. <https://seer.cancer.gov/statfacts/html/prost.html>. Online; acessado em 14 de Janeiro de 2020.
- SIEGEL, R. L.; MILLER, K. D.; JEMAL, A. Cancer statistics, 2019. *CA: a cancer journal for clinicians*, Wiley Online Library, v. 69, n. 1, p. 7–34, 2019.

SILVA, A. C. *Algoritmos para Diagnóstico Assistido de Nódulos Pulmonares Solitários em Imagens de Tomografia Computadorizada*. Tese (Doutorado) — Pontifícia Universidade Católica - RJ, Rio de Janeiro, Brasil, 2004.

SILVA, G. L. da et al. Lung nodules diagnosis based on evolutionary convolutional neural network. *Multimedia Tools and Applications*, Springer, v. 76, n. 18, p. 19039–19055, 2017.

SILVA, G. L. F. da et al. Convolutional neural network-based pso for lung nodule false positive reduction on ct images. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, Elsevier, v. 162, p. 109–118, 2018.

SILVA, I. d.; SPATTI, D. H.; FLAUZINO, R. A. Redes neurais artificiais para engenharia e ciências aplicadas. *São Paulo: Artliber*, p. 33–111, 2010.

SILVEIRA, K.; ZAIDAN, B. *Intervenção prostática*. [S.l.]: Faculdade de Ciências Médicas, 2018. <https://www.fcm.unicamp.br/drpixel/conteudo/intervencao-prostatica>. Online; acessado em 19 de Março de 2019.

SLED, J. G.; ZIJDENBOS, A. P.; EVANS, A. C. A nonparametric method for automatic correction of intensity nonuniformity in mri data. *IEEE transactions on medical imaging*, IEEE, v. 17, n. 1, p. 87–97, 1998.

SOLOW, A.; POLASKY, S.; BROADUS, J. On the measurement of biological diversity. *Journal of Environmental Economics and Management*, Elsevier, v. 24, n. 1, p. 60–68, 1993.

SOLTANINEJAD, M. et al. Automated brain tumour detection and segmentation using superpixel-based extremely randomized trees in flair mri. *International journal of computer assisted radiology and surgery*, Springer, v. 12, n. 2, p. 183–203, 2017.

SOLUTIONS, N. *What Is An MRI Scan?* 2008. <https://www.necksolutions.com/mri-scan-neck-back/>. Online; acessado em 16 de Março de 2019.

STOJANOV, D.; KOCESKI, S. Topological mri prostate segmentation method. In: IEEE. *Federated Conference on Computer Science and Information Systems (FedCSIS)*. [S.l.], 2014. p. 219–225.

STRAUSS, S. Y.; WEBB, C. O.; SALAMIN, N. Exotic taxa less related to native species are more invasive. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, National Acad Sciences, v. 103, n. 15, p. 5841–5845, 2006.

SZEGEDY, C. et al. Inception-v4, inception-resnet and the impact of residual connections on learning. *arXiv preprint arXiv:1602.07261*, 2016.

TAHA, A. A.; HANBURY, A. Metrics for evaluating 3d medical image segmentation: analysis, selection, and tool. *BMC medical imaging*, BioMed Central, v. 15, n. 1, p. 29, 2015.

TAPIA, M. F. et al. The prostate anatomy, a useful tool for clinical practice: assessed through augmented reality. *Contacto Científico*, v. 8, n. Especial A, 2019.

TIAN, Z.; LIU, L.; FEI, B. A fully automatic multi-atlas based segmentation method for prostate mr images. In: INTERNATIONAL SOCIETY FOR OPTICS AND PHOTONICS. *Medical Imaging 2015: Image Processing*. [S.l.], 2015. v. 9413, p. 941340.

- TIAN, Z. et al. Superpixel-based segmentation for 3d prostate mr images. *IEEE transactions on medical imaging*, IEEE, v. 35, n. 3, p. 791–801, 2016.
- TIAN, Z. et al. A supervoxel-based segmentation method for prostate mr images. *Medical physics*, Wiley Online Library, v. 44, n. 2, p. 558–569, 2017.
- TOTH, R. et al. A magnetic resonance spectroscopy driven initialization scheme for active shape model based prostate segmentation. *Medical Image Analysis*, Elsevier, v. 15, n. 2, p. 214–225, 2011.
- TUSTISON, N. J. et al. N4itk: improved n3 bias correction. *IEEE transactions on medical imaging*, IEEE, v. 29, n. 6, p. 1310–1320, 2010.
- VANDAMME, P. et al. Polyphasic taxonomy, a consensus approach to bacterial systematics. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, Am Soc Microbiol, v. 60, n. 2, p. 407–438, 1996.
- VANE-WRIGHT, R. I.; HUMPHRIES, C. J.; WILLIAMS, P. H. What to protect?—systematics and the agony of choice. *Biological conservation*, Citeseer, v. 55, n. 3, p. 235–254, 1991.
- VIANA, T. R.; CARVALHO, A. O. de; MAGALHÃES, D. M. V. Generative adversarial network and texture features applied to automatic glaucoma detection. *Applied Soft Computing*, Elsevier, p. 106165, 2020.
- VISSCHERE, P. D. Improving the diagnosis of clinically significant prostate cancer with magnetic resonance imaging. *Journal of the Belgian Society of Radiology*, Ubiquity Press, v. 102, n. 1, 2018.
- VOVK, U.; PERNUS, F.; LIKAR, B. A review of methods for correction of intensity inhomogeneity in mri. *IEEE transactions on medical imaging*, IEEE, v. 26, n. 3, p. 405–421, 2007.
- WANG, B. et al. Deeply supervised 3d fully convolutional networks with group dilated convolution for automatic mri prostate segmentation. *Medical physics*, Wiley Online Library, v. 46, n. 4, p. 1707–1718, 2019.
- WEBB, C. O. et al. Phylogenies and community ecology. *Annual review of ecology and systematics*, Annual Reviews 4139 El Camino Way, PO Box 10139, Palo Alto, CA 94303-0139, USA, v. 33, n. 1, p. 475–505, 2002.
- WEICKERT, J. A review of nonlinear diffusion filtering. In: SPRINGER. *International Conference on Scale-Space Theories in Computer Vision*. [S.l.], 1997. p. 1–28.
- WEITZMAN, M. L. On diversity. *The Quarterly Journal of Economics*, MIT Press, v. 107, n. 2, p. 363–405, 1992.
- WHITTINGTON, J. C.; BOGACZ, R. Theories of error back-propagation in the brain. *Trends in cognitive sciences*, Elsevier, v. 23, n. 3, p. 235–250, 2019.
- XU, J. et al. A deep convolutional neural network for segmenting and classifying epithelial and stromal regions in histopathological images. *Neurocomputing*, Elsevier, v. 191, p. 214–223, 2016.

- YAN, K. et al. Automatic prostate segmentation on mr images with deep network and graph model. In: IEEE. *IEEE 38th Annual International Conference of the Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC)*. [S.l.], 2016. p. 635–638.
- YANG, X.; ZHAN, S.; XIE, D. Landmark based prostate mri segmentation via improved level set method. In: IEEE. *IEEE 13th International Conference on Signal Processing (ICSP)*. [S.l.], 2016. p. 29–34.
- YANG, X. et al. Hierarchical prostate mri segmentation via level set clustering with shape prior. *Neurocomputing*, Elsevier, v. 257, p. 154–163, 2017.
- YE, X. et al. Comparison of 3.0 t pac versus 1.5 t erc mri in detecting local prostate carcinoma. *bioRxiv*, Cold Spring Harbor Laboratory, p. 058123, 2016.
- YOO, T. S. et al. Engineering and algorithm design for an image processing api: a technical report on itk-the insight toolkit. *Studies in health technology and informatics*, IOS Press; 1999, p. 586–592, 2002.
- YU, L. et al. Volumetric convnets with mixed residual connections for automated prostate segmentation from 3d mr images. In: *AAAI*. [S.l.: s.n.], 2017. p. 66–72.
- YU, W. et al. Magnetic resonance imaging study of gray matter in schizophrenia based on xgboost. *Journal of Integrative Neuroscience*, v. 17, n. 4, p. 331–336, 2018.
- ZHANG, K. et al. A variational approach to simultaneous image segmentation and bias correction. *IEEE Transactions on Cybernetics*, IEEE, v. 45, n. 8, p. 1426–1437, 2014.
- ZHANG, Y. et al. Residual dense network for image super-resolution. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. [S.l.: s.n.], 2018. p. 2472–2481.
- ZHOU, D.-X. Universality of deep convolutional neural networks. *Applied and computational harmonic analysis*, Elsevier, v. 48, n. 2, p. 787–794, 2020.